



**UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
INSTITUTO DE BIOTECNOLOGIA
PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E BIOQUÍMICA**

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS, CORRELAÇÕES E SELEÇÃO
DE PROGÊNIES SEGREGANTES DE SOJA EM DIFERENTES ÉPOCAS DE
SEMEADURA**

Aluna: Layara Santana de Carvalho

Orientador: Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira

Co-Orientador: Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki

**UBERLÂNDIA – MG
2021**



**UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
INSTITUTO DE BIOTECNOLOGIA
PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E BIOQUÍMICA**

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS, CORRELAÇÕES E SELEÇÃO
DE PROGÊNIES SEGREGANTES DE SOJA EM DIFERENTES ÉPOCAS DE
SEMEADURA**

Aluna: Layara Santana de Carvalho

Orientador: Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira

Co-Orientador: Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki

**Dissertação apresentada à
Universidade Federal de
Uberlândia como parte dos
requisitos para obtenção do
Título de Mestre em Genética e
Bioquímica (Área Genética).**

**UBERLÂNDIA – MG
2021**

Ficha Catalográfica Online do Sistema de Bibliotecas da UFU
com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

C331 2021	<p>Carvalho, Layara Santana de, 1988- ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS, CORRELAÇÕES E SELEÇÃO DE PROGÊNIES SEGREGANTES DE SOJA EM DIFERENTES ÉPOCAS DE SEMEADURA [recurso eletrônico] / Layara Santana de Carvalho. - 2021.</p> <p>Orientadora: Ana Paula Oliveira Nogueira . Coorientador: Osvaldo Toshiyuki Hamawaki. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia, Pós-graduação em Genética e Bioquímica. Modo de acesso: Internet. Disponível em: http://doi.org/10.14393/ufu.di.2021.325 Inclui bibliografia.</p> <p>1. Genética. I. , Ana Paula Oliveira Nogueira,1981-, (Orient.). II. Hamawaki, Osvaldo Toshiyuki,1954-, (Coorient.). III. Universidade Federal de Uberlândia. Pós-graduação em Genética e Bioquímica. IV. Título.</p> <p style="text-align: right;">CDU: 575</p>
--------------	--

Bibliotecários responsáveis pela estrutura de acordo com o AACR2:

Gizele Cristine Nunes do Couto - CRB6/2091

PALAVRAS CHAVE: *Glycine max.*, Melhoramento, Estratégias de Seleção.



UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
 Coordenação do Programa de Pós-Graduação em Genética e Bioquímica
 Av. Pará 1720, Bloco 2E, Sala 244 - Bairro Umuarama, Uberlândia-MG, CEP 38400-902
 Telefone: +55 (34) 3225-8438 - www.ppggb.ibtec.ufu.br - ppggb@ufu.br



ATA DE DEFESA - PÓS-GRADUAÇÃO

Programa de Pós-Graduação em:	Genética e Bioquímica				
Defesa de:	Dissertação de Mestrado Acadêmico - PPGGB.				
Data:	Trinta de junho de dois mil e vinte e um.	Hora de início:	14:00h	Hora de encerramento:	14:40h
Matrícula do Discente:	11822GBI007				
Nome do Discente:	Layara Santana de Carvalho				
Título do Trabalho:	Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e seleção de progênies segregantes de soja em diferentes épocas de semeadura.				
Área de concentração:	Genética.				
Linha de pesquisa:	Genética, Epigenética, Biologia e Melhoramento de Plantas e Animais.				
Projeto de Pesquisa de vinculação:	Desenvolvimento e técnicas de validação artificial para seleção de genótipos de soja resistentes à ferrugem asiática por fenotipagem por imagem.				

Aos trinta dias do mês de junho de dois mil e vinte e um, às 14:00 horas, reuniu-se via web conferência pela plataforma *Google Meet*, em conformidade com a Portaria nº 36, de 19 de março de 2020 da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES e Resolução de nº 06/2020 do Conselho de Pesquisa e Pós-graduação pela Universidade Federal de Uberlândia, a Banca Examinadora, designada pelo Colegiado do Programa de Pós-graduação em Genética e Bioquímica, assim composta: Professores Doutores: Ana Paula Oliveira Nogueira (Orientador), Polianna Alves Silva Dias e Osvaldo Toshiyuki Hamawaki. A participação dos dois últimos se deu por epístola. Iniciando os trabalhos o (a) presidente Dr (a). Ana Paula Oliveira Nogueira apresentou a Comissão Examinadora e o candidato(a), agradeceu a presença dos participantes, e concedeu ao Discente a palavra para a exposição do seu trabalho. A duração da apresentação do Discente e o tempo de arguição e resposta foram conforme as normas do Programa. A seguir o senhor(a) presidente procedeu a leitura das epístolas enviadas pelos membros da banca. Em seguida os membros presentes, passaram a arguir o(a) candidato(a). Ultimada a leitura das epístolas e a arguição, que se desenvolveu dentro dos termos regimentais, a Banca, em sessão secreta, atribuiu o resultado final, considerando o(a) candidato(a):

(A) PROVADO.

Esta defesa de Dissertação de Mestrado é parte dos requisitos necessários à obtenção do título de Mestre. O competente diploma será expedido após cumprimento dos demais requisitos, conforme as normas do Programa, a legislação pertinente e a regulamentação interna da UFU. Nada mais havendo a

tratar foram encerrados os trabalhos. Foi lavrada a presente ata que após lida e achada conforme foi assinada pela Banca Examinadora.



Documento assinado eletronicamente por **Ana Paula Oliveira Nogueira, Professor(a) do Magistério Superior**, em 30/06/2021, às 17:05, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Oswaldo Tosiuyuki Hamawaki, Professor(a) do Magistério Superior**, em 30/06/2021, às 17:21, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Polianna Alves Silva Dias, Usuário Externo**, em 30/06/2021, às 19:47, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://www.sei.ufu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **2807682** e o código CRC **67E4B32E**.



**UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
INSTITUTO DE BIOTECNOLOGIA
PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E**

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS, CORRELAÇÕES E SELEÇÃO
DE PROGÊNIES SEGREGANTES DE SOJA EM DIFERENTES ÉPOCAS DE
SEMEADURA**

ALUNO: Layara Santana de Carvalho

COMISSÃO EXAMINADORA

Presidente: Prof^ª. Dr^ª. Ana Paula Oliveira Nogueira

Examinadores: Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki

Prof^ª. Dr^ª Polianna Alves Silva Dias

Data da Defesa: 30/06/2021

As sugestões da Comissão Examinadora e as Normas PGGB para o formato da Dissertação/Tese foram contempladas

(Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira)

Dedico
Aos meus pais Regina Lúcia e Francisco.
À minha irmã Layanne e ao meu irmão Ramon.

AGRADECIMENTOS

À Deus por ter me dado o dom da vida, família e amigos;

À minha orientadora Professora Dra. Ana Paulo de Oliveira Nogueira, por me acolher como sua aluna, pela orientação no desenvolvimento deste trabalho, pelos conselhos, pela dedicação e pelo aprendizado adquirido.

Ao meu Co-orientador Professor Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki, pela disponibilidade em ajudar.

Agradeço aos meus pais e familiares por todo amor concedido, apoio incondicional e compreensão pelos momentos ausentes e até mesmo a falta de bom humor;

Ao Programa de Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia que permitiu o desenvolvimento do estudo;

Aos estagiários do Programa de Melhoramento de Soja da UFU, pela parceria e auxílio nas atividades experimentais, em especial a Camila que sempre esteve disposta em auxiliar nas atividades até o final;

Aos colegas de Pós-graduação Alex, Anna Regina, Fernanda, Lorryne, Morgana, Fábio pela amizade, ajuda e ensinamentos compartilhados;

À Universidade Federal de Uberlândia que me acolheu nestes anos de Pós-graduação possibilitando me qualificar ainda mais para o mercado de trabalho.

Muito obrigada!!!

SUMÁRIO

1- INTRODUÇÃO.....	1
2- REVISÃO DA LITERATURA.....	3
2.1- Origem e expansão da soja.....	3
2.2- Importância econômica da Soja.....	4
2.3- Melhoramento genético da soja.....	5
2.4 – Parâmetros genético em soja.....	6
2.4.1 – Herdabilidade.....	7
2.4.1- Correlações entre caracteres.....	9
2.5- Interação genótipos por ambientes.....	12
3- OBJETIVOS.....	14
3.1- Geral.....	14
3.2- Específicos.....	14
4- MATERIAL E MÉTODOS.....	14
5 - RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	22
6- CONCLUSÃO.....	42
7- REFERÊNCIAS.....	43

RESUMO

Os programas de melhoramento de plantas tem como objetivo a seleção de genótipos com desempenho superiores, com alta potencial produtivo, resistência a estresses bióticos e abióticos. O potencial produtivo de uma progênie é influenciado pela constituição genética e sua interação com o ambiente, assim, torna-se importante obter informações sobre o comportamento do genótipo em distintos ambientes, como o local e época de semeadura. O presente estudo teve como objetivos estimar os parâmetros genéticos e obter correlações fenotípicas e genotípicas entre caracteres agrônômicos de soja em duas épocas de semeaduras para seleção de progênies segregantes oriundas de populações de retrocruzamentos. O experimento foi realizado em campo na área experimental do Programa de Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), no município de Uberlândia – MG, na safra 2019/2020. Foram avaliados 104 progênies RCF3 provenientes do Programa de Melhoramento de Soja-UFU e as cultivares UFUS 6901, TMG 801 e BRSGO 7560. O delineamento foi o de blocos completos casualizados com três repetições. Os seguintes caracteres agrônômicos foram avaliados: número de dias para o florescimento e para maturidade, altura da planta na maturidade, número de nós na haste principal na maturidade, número de nós produtivo, número de vagens por planta, produção de grãos por planta, produtividade de grãos. Os dados foram submetidos a análise de variância, as médias agrupadas pelo teste Scott-Knott, estimaram-se as correlações fenotípicas e genotípicas entre caracteres e selecionaram-se progênies superiores de soja. Foi constatado a existência de variância genética ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F, para todos os caracteres avaliados. Os parâmetros herdabilidade, a razão entre os coeficientes de variação genética e ambiental sugeriram condições favoráveis a seleção de progênies para todos os caracteres nas duas épocas de semeaduras. Obteve-se herdabilidade entre 39,08% (PGP) e 92,76% (NDM) na semeadura de novembro, já na semeadura de dezembro variou de 55,83% (PROD) e 93,10% (NDM). A razão CV_g/CV_e indicaram condições favoráveis a seleção para NDF, NDM, APM, NNM e NN. Foi constatado a existência de correlações entre os caracteres com predominância de causas genéticas, sugerindo também o estudo de seleção indireta nas progênies avaliadas. Além disso, observou-se relação negativa de elevada magnitude entre os caracteres direcionados ao ciclo e produtividade indicando a seleção para redução ao número de dias para o florescimento, dias para maturidade e maior produtividade de grãos. Pelo método de Mulamba e Mock (1978), constatou-se menor ganho para seleção de progênies para redução do ciclo vegetativo e de desenvolvimento completo. Contudo pelo método de índice da distância genótipo-ideótipo obteve-se maior equilíbrio para ganho de seleção quando considerado todos os caracteres agrônômicos estudados, sendo possível a seleção de 25 progênies superiores. Identificaram-se as progênies superiores de soja UFUS 3, UFUS 5, UFUS 19, UFUS 30, UFUS 45 e UFUS 97, a quais foram selecionadas como superiores em relação as demais para os caracteres redução de ciclo e produtividade de grãos..

Palavras-chaves: *Glycine max.*, Melhoramento, Estratégias de Seleção.

ABSTRACT

Plant breeding programs aim to select genotypes with superior performance, with high productive potential, resistance to biotic and abiotic stresses. The productive potential of a progeny is influenced by the genetic constitution and its interaction with the environment, thus, it is important to obtain information about the behavior of this cultivar in different environments, such as location and sowing times. The present study aimed to estimate the genetic parameters and obtain phenotypic and genotypic correlations between soybean agronomic traits at different sowing dates for selection of segregating progenies from backcrosses. The experiment was carried out in the field in the experimental area of the UFU Soybean Breeding Program, in the municipality of Uberlândia - MG, in the 2019/2020 season. One hundred and four RCF3 progenies from the Soybean Breeding Program - UFU were evaluated and the cultivars UFUS 6901, TMG 801 and BRSGO 7560 as controls. The design was a complete randomized block with three replications. The following agronomic characters were evaluated: number of days to flowering and to maturity, plant height at maturity, number of nodes on the main stem at maturity, number of productive nodes, number of pods per plant, grain production per plant, grain yield. The data were subjected to analysis of variance, means were grouped by the Scott-Knott test, phenotypic and genotypic correlations between traits were estimated and superior soybean progenies were selected. The existence of genetic variance at the level of 1% of probability was verified by the F test, for all the evaluated characters. The heritability parameters, the ratio between the genetic and environmental variation coefficients suggested favorable conditions for progeny selection for all characters in the different sowing times evaluated. Heritability was obtained between 39.08% (PGP) and 92.76% (NDM) in November sowing, while in December sowing ranged from 55.83% (PROD) to 93.10% (NDM). The CVg/CVe ratio indicated favorable conditions for selection for NDF, NDM, APM, NNM and NN. It was verified the existence of correlations between the characters with a predominance of genetic causes, also suggesting the study of indirect selection in the evaluated progenies. In addition, a high magnitude negative relationship was observed between the traits directed to the cycle and productivity, indicating selection to reduce the number of days to flowering, days to maturity and greater grain yield. By the method of Mulamba and Mock (1978), it was verified smaller gain for the selection of progenies for reduction of the vegetative cycle and of complete development. However, using the genotype-ideotype distance index method, a greater balance was obtained for selection gain when considering all the agronomic characters studied, making it possible to select 25 superior progenies. To identify the superior progenies of soybean UFUS 3, UFUS 5, UFUS 19, UFUS 30, UFUS 45 and UFUS 97, which were selected as superior in relation to the others for the characters cycle reduction and grain yield.

Keywords: *Glycine max.*, Breeding, Selection Strategies.

1- INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* [L] Merrill.) é uma das oleaginosas cultivadas de ampla importância global, sendo a quarta cultura mais produzida mundialmente (GESTEIRA et al., 2018). O amplo interesse pela cultura pode ser parcialmente explicada pelo fato do grão ser rico em nutrientes, com aproximadamente 40 % de proteína e 20% de óleo.

O Brasil na safra 2020/2021 produziu 135,9 milhões de toneladas de grãos de soja, em 38,5 milhões de hectares, com uma produtividade média de 3.528 kg ha⁻¹ (Companhia Nacional de Abastecimento - CONAB, 2021). Tornando-se o maior produtor mundial de soja nesta safra, ultrapassando os Estados Unidos das Américas, sendo o complexo soja o principal setor exportador do agronegócio brasileiro com mais de US\$23 bilhões (Instituto de Economia Agrícola, IEA, 2021).

O melhoramento genético da soja visando a criação de novas cultivares é responsável pelo aumento da produtividade de grãos pela seleção de diferentes genótipos, com combinações que incorpore características agronômicas, que além da produtividade, sejam adaptadas a condições ambientais diversas do território brasileiro (SWARUP et al., 2020; COSTA et al., 2018).

Em busca de desenvolver novas cultivares de soja algumas etapas são realizadas. Primeiramente ocorre por meio da hibridação artificial entre os genitores de soja contrastantes para gerar uma população segregante, que atendam os objetivos dos programas de melhoramento (SOUZA et al., 2016; FRIEDRICH, BURTON, BROWNIE, 2016). A população segregante pode ter origem de cruzamentos biparentais ou retrocruzamentos, duplos, triplos ou complexos (BORÉM; MIRANDA, 2013; MATSUO et al., 2015). Sendo essas populações conduzidas por várias gerações até atingir um grau de homozigose genética (DUHNEN et al., 2017). Em seguida, as progênies formadas já em etapas mais avançadas, são selecionadas para formação de linhagens com características agronômicas desejáveis. Avaliações, dessas linhagens, em vários ambientes são necessários para melhor avaliação e estimar os parâmetros genéticos permitindo maior sucesso na seleção (ASHWORTH et al., 2020).

As estimativas de parâmetros genéticos são úteis na seleção de genótipos, que em gerações iniciais permitem direcionar o processo de seleção das

progênies mais promissoras, e ainda, escolher genitores com maior probabilidade de gerar recombinantes livres de interações indesejáveis (SANTOS, et al., 2019).

Na busca de selecionar os melhores genótipos, o melhoramento para um caráter principal deve ser mantido ou acentuar a expressão de outros caracteres simultaneamente. Entretanto, a seleção direta de caracteres de herança quantitativa, que são influenciados pelo ambiente e estão inter-relacionados, podem produzir variações desfavoráveis em outros caracteres (BIZARI et al., 2017).

O ambiente pode prejudicar a eficiência de seleção de genótipos superiores, logo, o desenvolvimento de uma nova cultivar. Assim, o estudo da interação de genótipos por ambientes pode ser entendido como o comportamento diferenciado do genótipo em relação as variações ambientais (REZENDE et al., 2020), (VERMA et al., 2020). Logo, um dos mais exigentes fatores no progresso do melhoramento de plantas é compreender perfeitamente a interação entre os genótipos por ambientes (ABATE, 2020; ELIAS, et al., 2016).

Para aumentar as chances de sucesso do programa de melhoramento, os melhoristas empregam os índices de seleção, que permite realizar a seleção simultânea de um conjunto de caracteres de importância agronômica. A teoria dos índices de seleção permite os múltiplos atributos contidos nas populações experimentais, possibilitando a obtenção de genótipos mais produtivos e adaptados pela seleção considerando um conjunto de variáveis de interesse econômico (SOUZA et al., 2019; TEIXEIRA et al., 2017).

Portanto, a realização de ensaios de progênies e linhagens são necessários serem avaliados em vários ambientes (combinação local/ano; temperatura ambiente; quantidade e distribuição de precipitação) para obter estimativas mais confiáveis dos diferentes genótipos em regiões alvos de cultivo (ASHWORTH et al., 2020).

2- REVISÃO DA LITERATURA

2.1- Origem e expansão da soja

A soja (*Glycine max* [L] Merrill.) tem sua origem no leste da Ásia, localizada no nordeste da China, conhecida como região da Manchúria. A cultura da soja é considerada uma das mais antigas, sendo que a primeira referência a soja consta do herbário PEN TS'AO KANG MU, escrito em 2838 a.C. Já nesta época foi descrita como um entre “os cinco grãos sagrados” para os chineses, junto com o arroz, o trigo, o milho e a cevada, por serem de importância na estabilidade da civilização chinesa (CÂMARA, 2015).

A cultura da soja só foi levada para o ocidente no final do século XV e início do XVI. Durante dois milênios permaneceu no oriente, fato atribuído a inexistência de intercâmbio entre as civilizações ocidentais. Com o ganho de importância econômica e comércio a soja cultivada expandiu para outras regiões ao sul da China, sudeste da Ásia e Japão (BEZERRA et al., 2015).

A leguminosa chegou na Europa em 1712 e foi cultivada na Inglaterra em 1790. Nas Américas, foi relatada pela primeira vez em 1804, nos Estados Unidos da América, na região da Pensilvânia, sendo considerada com potencial para planta forrageira e produtora de grãos. Em 1880, após vários experimentos teve seu potencial reconhecido e indicado para cultivo. Somente em 1930, a cultura teve expansão na produção de grãos, esse crescimento rápido ocorreu provavelmente por dois fatores: pela qualidade como alimento e principalmente pela possibilidade de colheita mecanizada (LANGTHALER, 2020).

A introdução da soja no Brasil é relatada em 1882, na Bahia, utilizando cultivares oriundos dos Estados Unidos, porém, não tiveram boa adaptação em latitudes em torno de 12° Sul. Em 1981, no estado de São Paulo, com latitudes em torno de 22° Sul, foram introduzidas novas cultivares que apresentaram melhores desempenho. A leguminosa foi introduzida ao Rio Grande do Sul, em 1914, e demonstrou melhor desempenho devido as condições edafoclimáticas semelhantes ao Sul dos Estados Unidos, principalmente o fotoperíodo (BEZERRA et al., 2015).

A partir da década de 1960, toda a região do Rio Grande do Sul já cultivava a soja. A sojicultura expandiu no Cerrado Brasileiro, ocupando regiões do sudeste, norte e nordeste. Esse progresso está associado à disponibilidade de tecnologias do setor produtivo, e principalmente aos avanços dos programas de melhoramento genético que permitem a seleção de cultivares com alta produtividade, resistência a doenças e adaptadas a diferentes climas (SILVA et al., 2017).

2.2- Importância econômica da Soja

A soja é uma das culturas mais importantes no mundo, embora não seja considerada como alimento básico, como, o trigo, arroz, milho e aveia. O grão de soja é rico em lipídeos e proteínas, em torno de 20% e 40%, respectivamente (SILVA et al., 2017). Essas características a tornam uma matéria-prima importante para o desenvolvimento da cultura e crescimento de um complexo industrial. A planta da soja permitem o seu emprego, como adubo verde e forrageira para alimentação animal (silagem, farelo, entre outros). E os subprodutos oriundos do processamento dos grãos são utilizados na alimentação humana (biscoitos, alimentos dietéticos, óleo, margarina, panificação, molhos, etc.); usos industriais (tintas, inseticidas, tecidos, sabões, cosméticos, adesivos, etc.); nutrição animal, entre outros, além de usos potenciais (plásticos biodegradáveis, hidrogéis concreto anti-congelante, entre outros) (CÂMARA, 2015).

O agronegócio brasileiro é responsável por mais de um terço do Produto Interno Bruto (PIB), no qual arrecadou US\$41,20 bilhões nos primeiros 5 meses de 2020 com vendas externas (BRASIL, 2021). O complexo soja (formado pelo grão, farelo e óleo) é o principal setor exportador do agronegócio brasileiro, somando mais de US\$23 bilhões, com participação de 47,4% do volume total exportado pelo segmento. A soja em grãos é o principal produto do complexo, responsável por 85,3% do valor exportado pelo setor até o momento (Instituto de Economia Agrícola, IEA, 2021).

De acordo com dados divulgados pela Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB) na safra 2020/2021 a estimativa da produção nacional

será de 135,9 milhões de toneladas de grãos em 38,5 milhões de hectares. Essa safra teve um aumento de 4,4% na produção e um acréscimo de 4,2% na área cultivada em relação a safra de 2019/2020. Isso permitiu o Brasil a continuar como o maior produtor de soja, ultrapassando os Estados Unidos, que têm uma produção estimada de 122,5 milhões de toneladas nessa safra com produtividade de 3,38 kg ha⁻¹ (USDA, 2021).

O estado do Mato Grosso, principal produtor de soja, apresentou produção de 35,9 mil toneladas, com produtividade de 3,5 kg ha⁻¹ na safra de 2020/2021. Completam a lista dos principais produtores da safra atual os estados do Rio Grande do Sul (20,2 mil toneladas), do Paraná (19,9 mil toneladas) e Goiás (13,7 mil toneladas) (EMBRAPA, 2021).

O estado de Minas Gerais produziu cerca de 7.022 mil toneladas na safra de 2020/2021. Embora o estado tenha uma redução na produtividade em 1,3% e houve um incremento na produção de 13,8%, o estado ocupa apenas a sexta colocação entre os principais produtores de soja (CONAB, 2021).

2.3- Melhoramento genético da soja

O melhoramento genético da soja visa à busca de novas cultivares que sejam mais produtivas e adaptadas para diversas condições ambientais (SILVA et al, 2017). Os programas de melhoramento tem disponibilizado cultivares com alta produtividade de grãos, resistentes a déficit hídrico, tolerantes às altas temperaturas, solos ácidos, além de doenças e pragas (SOARES et al., 2015, SWARUP et al., 2020), o que tem permitido a expansão da soja nas diversas condições brasileiras.

Entre os principais objetivos no melhoramento de soja, destaca-se o incremento na produtividade de grãos (NOGUEIRA; SEDIYAMA; GOMES, 2015) e para atingí-lo faz-se necessário gerar populações segregantes, com variabilidade genética e potencial para seleção de progênies superiores quanto aos caracteres agrônômicos e resistências às doenças.

Pesquisas com soja têm apontado que a base genética brasileira da soja é estreita, gerando riscos principalmente a susceptibilidade às doenças

(WYSMIERSKI; VELLO, 2013; VILLELA et al., 2014). Entretanto, observou-se no Brasil que a diversidade genética permanece constante nos últimos 40 anos de melhoramento, tendo ainda variabilidade genética que permitem o desenvolvimento de novas cultivares pelos programas de melhoramento genético de soja (NOGUEIRA; SEDIYAMA; GOMES, 2015; ODA et al., 2015).

Uma das etapas mais importante para o processo de melhoramento genético da soja é a escolha dos parentais, que sejam genótipos com as características agronômicas de interesse a serem recombinadas. Após, pode ser realizadas hibridações artificiais entre parentais geneticamente distintos, o que irá permitir maiores chances no ganho de seleção. Com os cruzamentos são formadas populações com variabilidade genética (VIANNA et al., 2019).

As populações segregantes são submetidas a sucessivas gerações de autofecundação buscando restaurar a homozigose. Várias estratégias são conduzidas para o avanço de população segregante para a obtenção de progênies relativamente homozigóticas, como: método genealógico, método descendente de uma única semente (Single Seed, Descendent - SSD), método descendentes de uma única vagem (Single PodDescendent - SPD, testes de geração precoce e retrocruzamento (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

Nas populações em gerações mais avançadas, as mesmas são submetidas a testes de progênie e de linhagens que são avaliadas e selecionadas plantas com potencial genotípico para as características de interesse (DINIZ, et al., 2014). Entre essas características observa-se uniformidade do ciclo, tipo de crescimento, porte, produtividade, resistências às doenças, ao acamamento e à deiscência das vagens (SEDIYAMA; TEXEIRA; REIS, 2013). Com os resultados obtidos, e mantendo a estabilidade dos caracteres é possível o lançamento de novas cultivares indicadas para regiões específicas (CASTRO, et al., 2015; MATSUO et al. 2015).

2.4 – Parâmetros genético em soja

Os parâmetros genéticos são importantes para os melhoristas pois sua interpretação permite auxiliar na otimização do processo de seleção de genótipos

superiores e definir adequadamente as estratégias de seleção (SILVA et al., 2017). Estes, podem ser estimados em gerações iniciais, como populações segregantes, e finais, na seleção de linhagens, no programa de melhoramento (RAMALHO; BRUZI; TEIXEIRA, 2017).

Em gerações segregantes as estimativas de parâmetros genéticos essenciais, como a herdabilidade, estimativas do número de genes, a capacidade geral e específica de combinação, a heterose, as variâncias: aditiva, de dominância, sobredominância e epistasia (FALCONER, MACKAY, 1996). Dessa forma, a utilização das variâncias fornecem informações úteis para o melhorista, permitindo a estimativa da herdabilidade, além de permitir estimar interações entre os coeficientes de variância genética por coeficiente de variância ambiental (RAMALHO; BRUZI; TEIXEIRA, 2017).

A variância genética pode ser estimada por meio de dados fenotípicos observados, e em plantas autógamas, como a soja, é possível o melhorista prever o que ocorre na estrutura genética da população segregante em qualquer geração de endogamia. Permitindo a predição de ganhos e seleção dos genótipos das populações em relação aos caracteres de interesse (RAMALHO; BRUZI; TEIXEIRA, 2017).

2.4.1 – Herdabilidade

A herdabilidade (h^2) é um dos parâmetros genéticos mais úteis para os melhoristas, pois permite prever o ganho de seleção. De acordo com Falconer e Mackay (1996) a herdabilidade refere-se à razão da variância genética pela variância fenotípica, isto é, é a proporção da variação total que é atribuída ao efeito médio dos genes.

A estimativa da herdabilidade varia entre valores de zero a um. Se o valor for igual a um, o fenótipo é determinado pelo genótipo, sem influência do ambiente, e se igual a zero, a variação entre os indivíduos é exclusivamente de natureza ambiental (SANTOS et al., 2018). Quanto maior a herdabilidade do caráter de interesse maior será a possibilidade de sucesso na seleção (JANDONG; UGURU; OKECHUKMU, 2020).

A herdabilidade pode ser estimada no sentido amplo que é constituída pela razão entre a variância genotípica pela variância fenotípica, e no sentido restrito sendo definida como a razão entre a variância genética aditiva pela variância fenotípica, que pode ser transmitida para as próximas gerações (BORÉM; MIRANDA, 2013; FALCONER; MACKAY, 1996). A herdabilidade pode ser afetada pelo tipo de características agronômicas analisadas, pelo método de estimação, a diversidade na população, o nível de endogamia, o tamanho da amostra observada, o número de ambientes, o método experimental considerado e a precisão na condução do experimento e coleta dos dados (BORÉM; MIRANDA, 2013).

Azevedo et al. (2021), estimaram parâmetros genéticos em 2 populações de progênies F3:4 e F4:5 nos anos agrícolas 2015/2016 e 2016/2017, respectivamente. Nesse trabalho foram estimados os parâmetros genéticos: variância genética, variância fenotípica, herdabilidade e acurácia de seleção. Foi observado alta variância genotípica nas populações, para os caracteres rendimento de grãos por planta, número de vagens por planta, número de ramos e valor agronômico. Além disso, encontraram variação de herdabilidade 0,56 a 0,75 para ambas populações para o caráter rendimento de grãos.

Santos et al. (2018) estimaram parâmetros genéticos em caracteres de interesse agronômico em populações F2 de soja e seus genitores com presença e ausência de lipoxigenase no Distrito Federal. Foram avaliados o número de dias para maturação (NDM), altura das plantas (AP), altura da inserção da primeira vagem (AIV), número de vagens por planta (NVP) e rendimento de grãos por planta (RG). Os pesquisadores observaram altos valores de herdabilidade, variando de 95% à 68%, nas populações F2 de soja com período juvenil longo e ausência de lipoxigenase, mostrando elevada probabilidade de ganhos por seleção.

O coeficiente de variação genética (CVg) é outro parâmetro importante, que auxilia no processo de ganho por seleção, pois permite inferir sobre a magnitude da variabilidade genética que uma população apresenta para cada caráter de interesse (SANTOS, et al., 2020). O coeficiente de variação ambiental/experimental (CVe) é o parâmetro que indica a magnitude da precisão experimental em experimentos, quanto menor o CVe, menor a variação ambiental

e uma maior homogeneidade dos dados coletados (NETO et al., 2018; PERES et al., 2020).

A razão CV_g/CV_e é uma indicação do grau de eficiência seletiva das progênies para cada caráter. Um caráter é considerada favorável para seleção quando essa razão for maior ou igual a unidade, indicando que a variância genética é a maior responsável pelas diferenças entre progênies. (SANTOS et al., 2018).

Santos et al. (2019) avaliaram parâmetros genéticos e agronômicos em progênies F2 de soja. Concluíram que a seleção por número de dias para maturação e altura da planta na maturação é eficiente na população quando avaliados a herdabilidade e a razão CV_g/CV_e .

Vianna et al. (2019) avaliaram 20 linhagens de soja no município de Uberlândia – MG e estimaram os coeficientes de variância genético e ambiental entre 12 caracteres de interesse agronômicos. E observaram que a razão CV_g/CV_e apresentaram os resultados entre 0,56 e 1,82 para número de nós produtivos no ramo central e para o número de dias para maturidade, respectivamente, sendo observado caracteres favoráveis para a seleção. A estimativa da razão CV_g/CV_e são úteis para o melhoramento uma vez que, indica as chances de sucesso no processo de seleção.

2.4.1- Correlações entre caracteres

Os programas de melhoramento buscam selecionar genótipos superiores para desenvolver cultivares superiores às existentes no mercado agrícola. Contudo, grande parte dos caracteres de interesse estão relacionados a herança quantitativa, quando são controlados por muitos genes (NOGUEIRA et al., 2012). Um grande desafio encontrado entre os melhoristas é a seleção simultânea de vários caracteres, devido à existência de correlações entre os mesmos, que podem ter uma correlação benéfica ou não aos objetivos do melhoramento (RAMALHO et al., 2012). Assim, conhecer as correlações entre caracteres são importantes, principalmente, em casos que a seleção de um caráter é difícil, devido a baixa herdabilidade ou problemas de mensuração. Portanto, fazer-se do

uso de seleção indireta por outro caráter que apresente alta herdabilidade, logo, grande correlação é uma ferramenta no melhoramento de plantas (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A correlação é um parâmetro estatístico que mede a intensidade de associação linear entre duas variáveis, ou uma medida do grau de variação conjunta, podendo ser positiva ou negativa. O entendimento dessas correlações entre caracteres é de imensa importância, uma vez, que permite o melhorista o conhecimento das modificações que ocorre em um caráter quando se realiza a seleção em outro caráter a ele correlacionado (RAMALHO et al., 2012).

As correlações que podem ser estimadas entre caracteres são: fenotípicas, genotípicas e ambientais. A correlação fenotípica é estimada a partir de dados coletados da avaliação de expressão visível de um caráter, que tem como causas os efeitos genético e ambiental. A correlação genética é determinada inteiramente pelo genótipo, sem influencia do ambiente. A correlação genética apresentam duas causas, a principal é a pleiotropia (fenômeno no qual um único gene controla diversos caracteres) e a transitória é a ligação gênica (quando dois ou mais genes interagem entre si para definir um único caráter), o que ocorre principalmente em populações com origem de cruzamentos com pais contrastante (NETO et al., 2018).

Quando os genótipos são submetidos às mesmas influencias ambientais torna-se possível determinar também a correlação ambiental entre caracteres. Se a correlação ambiental for negativa indica que o ambiente favorece um caráter em detrimento ao outro, e quando for positiva indica que os caracteres são favorecidos ou prejudicados pelas mesmas alterações ambientais (FALCONER; MACKAY, 1996).

Na interpretação das correlações leva-se em consideração a sua magnitude, sinal, e a significância. Os coeficientes de correlação são adimensionais, não sendo maior que uma unidade, variando entre -1 e 1, sendo o valor zero indicação de total ausência de relação linear. Quando as correlações são positivas indicam que os caracteres variam na mesma direção, e quando são negativas refletem caracteres inversamente correlacionados (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Leite et al. (2015) estimaram parâmetros genéticos e obteve correlações em caracteres agronômicos em genótipos de soja tardio. Este autores relataram correlações genotípicas positivas, no qual o caráter altura da planta na maturidade estava correlacionado positivamente com a altura da inserção da primeira vagem, e o caráter no número de nós correlacionado com a produtividade de grãos.

Santos et al. (2018) estimaram parâmetros genéticos em progênie de soja em busca de genótipos com ausência das enzimas de lipoxigenase, e que tivessem período juvenil longo e com potencial para cultivo em regiões de baixa latitude no Cerrado brasileiro.

Leite et al. (2016) estimaram os coeficientes de correlações fenotípicas, genotípicas e ambiental entre 6 caracteres de interesse agrônômico. Concluíram que os caracteres número de vagens e número de nós possuem alta correlação genotípica e fenotípica positivas com produtividade de grãos. Tais caracteres são associados ao potencial produtivo de grão de um genótipo, o que foi observado pelos pesquisadores. Também foi notado que existe uma correlação ambiental positiva e significativa para os caracteres altura da planta na maturidade e produção de grãos, sendo o fator ambiental superior as correlação fenotípica, indicando que a expressão do fenótipo é influenciada pelo ambiente.

Santos et al. (2018) estimaram parâmetros genéticos e calculou correlações fenotípicas entre caracteres agronômicos e variabilidade genética em progênies F2 de soja formadas por cruzamentos biparentais e seus genitores, com o objetivo de seleção para ciclo, produtividade e altura de planta. Foi observado correlações significativas entre os 5 caracteres avaliados e que o ciclo da cultura teve efeito na expressão da altura da planta e altura da primeira vagem, assim como plantas com maior número de vagens foram as mais produtivas. Logo, permitiu a seleção indireta para obtenção de genótipos desejáveis.

Vianna et al. (2019) estimaram os parâmetros genéticos e correlações entre caracteres para selecionar linhagens de soja com o objetivo de aumentar a produtividade de grãos e buscar melhorar características agronômicas. Sendo assim, os pesquisadores observaram uma forte correlação entre rendimento de grãos e o número de vagens com 3 grãos, o que pode ser um indicativo para seleção indireta para genótipos superiores.

2.5- Interação genótipos por ambientes

Os programas de melhoramento de plantas objetivam o desenvolvimento de cultivares superiores, que tenha alta produtividade econômica. Contudo um dos principais desafios que os melhoristas enfrentam é a respostas dos genótipos em relação aos diferentes ambientes, tornando esse objetivo difícil de se obter na prática (ELIAS et al., 2016; ABATE, 2020).

A interação genótipos por ambientes (GxA) é o comportamento diferencial dos genótipos em relação às alterações ambientais, o que leva a desempenhos inconsistentes dos genótipos (REZENDE et al., 2020) e limita a eficiência da seleção dos genótipos superiores (VERMA et al., 2020). O ambiente é composto por todos os fatores que interferem no desenvolvimento da planta que não é proveniente de fatores genéticos (BORÉM; MIRANDA, 2013). Podem ser consideradas as condições edafoclimáticas, como o relevo, temperatura, clima, tipo de solo que afetam na época de semeadura, o ano agrícola, local da semeadura, fatores que impactam no crescimento das plantas (SILVA; SEDIYAMA; BORÉM, 2015).

Silva, Carvalho e Dallacort (2019) ao avaliarem o desempenho produtivo e caracteres vegetativos de 6 cultivares de soja em 4 épocas diferentes de semeadura na safra 2012/2013 e em dois ambientes diferentes no Estado de Mato Grosso. Foi observado que com o atraso na época de semeadura ocorreu redução no número de dias para o florescimento e ciclo vegetativo das cultivares, provocando redução na produtividade de grãos. E déficit hídrico na fase vegetativa da cultura ocasionou diminuição na altura da planta e altura da inserção da primeira vagem.

Mattos et al. (2020) avaliaram a influencia de semeadura em diferentes momentos nos caracteres agrônômicos de 12 cultivares de soja. Foram avaliados 4 períodos de semeaduras (22/10/16; 5/11/16; 22/12/16 e 5/01/2017) no município de Uberlândia, Minas Gerais. Foi observado que as semeaduras de outubro e novembro foram as que obtiveram maior produtividade, com maior número de vagens e maior altura da planta na maturidade. E as semeaduras mais tardias (dezembro e janeiro) apresentaram menor rendimento de grãos. Resultados similares foram observados neste estudo.

Ramalho, Bruzi e Teixeira (2017) observam que a natureza da interação está relacionada a fatores fisiológicos, é, ou, bioquímico inerentes de uma cultivar. Quando relacionado ao fator genético, a interação ocorre quando existe a contribuição dos alelos dos vários genes que controlam o caráter, ou quando a expressão dos genes divergem nos diferentes ambientes.

O sucesso na seleção de progênies é influenciado de forma significativa pela interação genótipos por ambientes, assim como a estimativa de variância genética e do ganho de seleção (RAMALHO et al., 2012; RIBEIRO et al., 2016). A interação pode ser caracterizada como simples ou complexa. Será simples quando os genótipos apresentem a mesma resposta em diferentes ambientes e será complexa quando a classificação não está correlacionada e os genótipos possuem resposta distintas a ambientes diferentes (PELÚZIO et al., 2010; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014).

Devido as diferentes condições endofoclimáticas em que são cultivadas a soja no Brasil, torna-se de extrema importância o entendimento da interação genótipos por ambientes na manifestação fenotípica. Esse fato dificulta a seleção de um genótipo, assim como, a recomendação de uma cultivar, porque o genótipo adaptado para uma condição de crescimento pode não ter boa performance em outras condições ambientais (OLIVEIRA et al., 2018). Logo, os programas de melhoramento genético devem considerar, e estimar a interação tanto no momento de seleção de progênies como na recomendação de novas cultivares comerciais para determinadas regiões (RAMALHO; BRUZI; TEIXEIRA, 2017; CAPONE, et al., 2018).

Bianchi et al. (2019) objetivaram avaliar o impacto da interação G x E na identificação de progênies de soja geneticamente superior. Para isso, progênies $F_{3.4}$ foram avaliadas em dois ambientes diferentes no Estado de Minas Gerais (MG), na safra 2016/2017. E progênies $F_{3.5}$ foram avaliadas na safra 2017/2018 em 3 localidades diferentes em MG. Para as avaliações foram considerados os caracteres agrônômicos: rendimento de grãos, altura da planta, dias para maturação, altura da primeira vagem. Estes pesquisadores identificaram que a maioria da variação foi devido à interação complexa, que indica a existência de comportamento distinto das progênies frente às variações ambientais, dificultando a seleção. Com esses resultados, pode-se inferir que a interação G X A pode

influenciar nas estimativas dos parâmetros genotípicos e fenotípicos na soja e a importância da herdabilidade alcançada como uma ferramenta para o estudo da interação G X A.

3- OBJETIVOS

3.1- Geral

Estimar parâmetros genéticos e definir estratégias de seleção em genótipos de soja em programa de melhoramento genético.

3.2- Específicos

Determinar as herdabilidades e correlações fenotípicas, genotípicas para caracteres agrônômicos de soja em duas épocas de semeadura.

Avaliar o desempenho agrônômico de progênies de soja em duas épocas de semeaduras para fins de seleção.

Analisar diferentes estratégias de seleção de progênies de soja para obter maiores êxitos em programa de melhoramento de soja.

4- MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no ano agrícola 2019/2020, na fazenda experimental Capim Branco, da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), no município de Uberlândia, Minas Gerais, com as coordenadas geográficas: latitude 18° 53'19"S, longitude 48° 20'57"W e altitude de 872 m, na área experimental do Programa de Melhoramento de Soja UFU. Os dados meteorológicos, precipitação e temperatura durante a condução do experimento estão representados na Figura1.

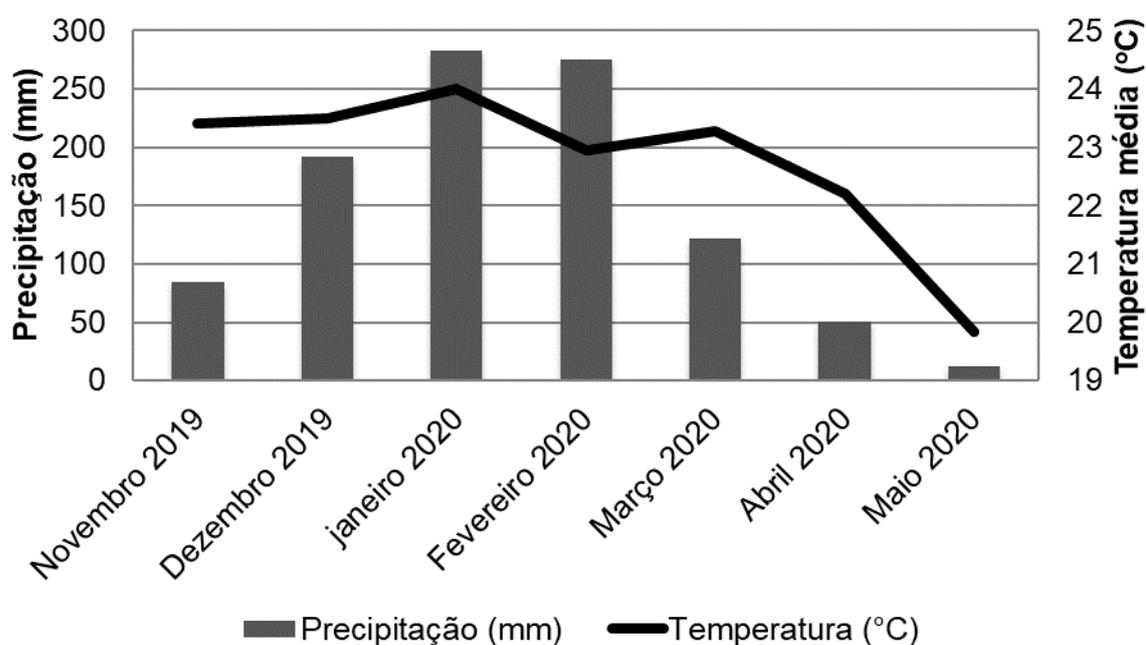


FIGURA 1: Temperatura média e precipitação nos meses de novembro 2019 a maio de 2020 em Uberlândia, MG. Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (LATEC).

Foram realizados dois experimentos, em duas épocas de semeadura: 22 de novembro e 14 de dezembro de 2019. Os tratamentos foram constituídos de 104 progênies de soja em geração RCF3, provenientes do Programa de Melhoramento Genético de Soja (UFU) e três cultivares convencionais UFUS 6901, TMG 801 e BRSGO 7560. As progênies F1 foram provenientes de cruzamentos entre UFUS 6901 x TMG 801 e UFUS 6901 x BRSGO 7560. As progênies RCF3 são resultados de retrocruzamentos entre as progênies (F₁) com as cultivares genitoras, cujos descendentes foram semeados para obtenção das progênies segregantes.

Os experimentos foram instalados em delineamento de blocos casualizados com três repetições. Cada parcela experimental foi constituída por uma linha de 1,5 m de comprimento e espaçadas em 0,5m. Foram semeadas 30 sementes por linha.

O experimento foi instalado no campo, no qual teve o solo preparado com uma aração e duas gradagens. Foi realizado a adubação manual, diretamente nos sulcos de semeaduras, incorporando no solo 300 kg ha⁻¹ com a formulação NPK 04-20-20. As sementes foram tratadas previamente com fungicidas

Carbendazim e Tiram, e inoculação com *Bradyrhizobium japonicum*. A semeadura foi realizada de forma manual.

Dois dias após a semeadura foi realizado o controle de plantas daninhas com herbicida pré-emergente, S-Metolaclo, na dose 1,4 L ha⁻¹ e uma aplicação pós-emergente, Oxima ciclohexanodiona, 1,0 L ha⁻¹ para ambas épocas de semeaduras. O controle de plantas daninhas foi realizado a partir de aplicações por meio de aplicador costal manual com capacidade de 20 L de calda. O controle seguiu com campinas manuais, sendo realizada duas capinas em cada época de semeadura.

Nos dias 36 dias e 45 dias após a semeadura foram realizadas aplicações de Cobalto (Co) e Molibdênio (Mb) na dosagem recomendada pelo produto 150 mL ha⁻¹, respectivamente em cada época de semeadura. Nas duas épocas de semeaduras, o controle de doenças foram realizadas aplicações em intervalos de 15 dias, de acordo com a indicação do período de aplicação do produto, utilizando produtos com princípios ativos fungicidas - mancozebe, trifloxistrobina, protioconazol, e inseticidas - neotnicotinoide, piretroide, acefato, acetamiprido, piriproxifem.

Para os caracteres agrônômicos foram avaliados nos estádios fenológicos R1 e R8 (FEHR; CAVINESS, 1977) e após a colheita, identificados pelo início da fase reprodutiva, quando ocorre o florescimento, e final do ciclo quando 95% das vagens encontram-se na cor prevista para o genótipo. Com exceção da produtividade de grãos, os demais foram amostrados 3 plantas ao acaso e avaliados. Foram avaliados os seguintes caracteres:

1. Número de Dias para o Florescimento (NDF): corresponde o número de dias entre a data de emergência (VE) e a data em que 50% da parcela encontrava-se com pelo menos uma flor aberta na haste principal (R1);
2. Número de Dias para a Maturidade (NDM): corresponde o número de dias entre a data de emergência (VE) e a data em que 50% da parcela encontrava-se com 95% das vagens na cor prevista para o genótipo (R8);
3. Altura da Planta na Maturidade (APM): altura medida em centímetros, com auxílio de régua, na haste principal do solo até o último nó visível, na maturidade (R8);

4. Número de Nós Totais (NNT): obtida pela contagem de todos os nós na haste principal a partir do nó cotiledonar na maturidade (R8);
5. Número de Nós Produtivos (NNP): obtida pela contagem de todos os nós que apresentavam ramificações da haste principal (R8);
6. Número de Vagens Totais (NV): obtida pela contagem do número de vagens totais, na planta, posterior à colheita;
7. Produtividade de grãos (PROD): após a colheita, cada linha foi trilhada e os grãos beneficiados, em seguida foi mensurada sua massa, em balança digital com quatro casas decimais, e sua umidade, em medidor de umidade de grãos.

Para avaliar a existência de variância genética para os caracteres quantitativos, foram realizadas análises de variância (ANOVA) conforme o modelo abaixo, considerando delineamento de blocos casualizados e os efeitos aleatórios (blocos, genótipos e erro)

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} : valor de cada caráter em uma parcela que compreende o i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;

μ : média geral;

G_i : efeito do genótipo considerado aleatório i;

B_j : efeito do bloco considerado aleatório j;

ε_{ij} : efeito do erro aleatório.

Por meio do teste de média de Scott Knott aos níveis de 1 e 5 % de probabilidade os genótipos foram agrupados.

Estimaram-se os seguintes parâmetros genéticos coeficiente de variação genotípica e a razão entre o coeficiente de variação genotípica.

$$CVg = \frac{\hat{\sigma}_g}{m} \times 100$$

Em que:

CV_g : Coeficiente de variação genético;

$\hat{\sigma}_g$: Estimativa do desvio padrão genético;

m: média observada.

Estimou-se a herdabilidade seguindo a equação abaixo:

$$H^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\frac{QMT}{r}}$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{(QMT-QMR)}{r}$$

Em que:

H^2 : Herdabilidade no sentido amplo;

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genética

QMT: quadrado médio do genótipo na ANOVA;

QMR: quadrado médio do resíduo na ANOVA;

r: número de repetições .

Foram estimadas as correlações fenotípicas e genotípicas seguindo as fórmulas seguir:

$$r_f = \frac{PMG_{xy}}{\sqrt{QMG_x QMG_y}}$$

Em que ;

r_f : estimador de correlação fenotípica;

PMG_{xy} : produto médio entre os genótipos para os caracteres X e Y;

QMG_x : quadrado médio de genótipos para o caráter X;

QMG_y : quadrado médio de genótipos para o caráter Y.

$$r_g = \frac{(PMG_{xy}-PMR_{xy})/r}{\sqrt{\hat{\sigma}_{g(x)}\hat{\sigma}_{g(y)}}} = \frac{\hat{\sigma}_g(xy)}{\sqrt{\sigma_{g(x)}^2\sigma_{g(y)}^2}}$$

Em que:

r_g : estimador de correlação genotípica;

$\sigma_g(xy)$: estimador da covariância genotípica;

$\sigma_{\varepsilon(x)}^2$ e $\sigma_{\varepsilon(y)}^2$: estimador das variâncias genotípicas dos caracteres X e Y, respectivamente.

Realizou-se a análise de variância conjunta, adotando-se efeitos fixo para genótipos e ambientes, conforme modelo descrito abaixo:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + A_j + GA_{ij} + B/A_{jk} + \varepsilon_{ijk}$$

Em que:

μ : média geral

G_i : efeito do genótipo i

A_j : efeito da época de semeadura j (ambiente)

GA_{ij} : efeito da interação genótipo por ambiente

B/A_{jk} : efeito do bloco k dentro do ambiente j

ε_{ijk} : erro aleatório.

Realizou-se o estudo da interação G x A, a partir da decomposição em parte complexa entre pares de ambientes, conforme descrito por Cruz e Castoldi (1991). Assim, a parte complexa foi obtida pela expressão:

$$c = \sqrt{(1-r)^3} \sqrt{Q_1 Q_2}$$

Sendo Q1 e Q2 correspondentes aos quadrados médios dos genótipos nos ambientes 1 e 2, respectivamente, e r a correlação entre as médias dos genótipos nos dois ambientes.

Estimaram-se as correlações fenotípicas e genotípicas entre os pares de ambientes (CRUZ et al., 2012).

A partir das medias, visando a seleção de progênies superiores foi estabelecido como critério de seleção no sentido de reduzir o período para ciclo vegetativo (NDF) e total (NDM) e o incremento para os outros caracteres estudados.

Para a determinar os ganhos de seleção (GS) adotou-se a proporção de 20% das melhores progênies, sendo os GS para seleção indireta e direta baseados no diferencial de seleção pelas fórmulas a seguir:

$$GS_i = (X_{si} - X_{oi}) H_i^2 = DS_i H_i^2$$

Em que:

GS_i : ganho de seleção direto no i-ésimo caráter;

X_{si} : média das progênies selecionadas para o caráter i;

X_{oi} : media original da população para o caráter i;

H_i^2 : herdabilidade do caráter i;

DS_i : diferencial de seleção praticado na população.

$$GS_{j(i)} = DS_{j(i)} H_i^2$$

Em que:

$GS_{j(i)}$: ganho de seleção indireto no j-ésimo caráter pela ação no i-ésimo caráter;

$DS_{j(i)}$: diferencial de seleção indireto obtido em função da média do caráter j nos indivíduos selecionados com base no caráter i.

Os índices de seleção são obtidos como combinações lineares das medidas de diversos caracteres, podendo ser eficientes, pois permite a avaliação de todos os dados disponíveis e valorizam atributos considerados de maior importância pelo melhorista.

O índice baseado em soma de "ranks"- MULAMBA & MOCK (1978) consiste na hierarquização dos genótipos em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento. Após classificados, são somadas as ordens de cada genótipo, resultando no índice de seleção, como descrito:

$$I = r_1 + r_2 + r_3 + r_n,$$

Em que:

l : é o valor do índice para determinado indivíduo;

r_j : a classificação (*rank*) do indivíduo para o carácter j ;

r_n : o número de carácter considerados no índice.

O índice baseado na distancia genótipo-ideótipo, consiste em fixar um valor ideal para cada característica, criando um genótipo ideal ou ideótipo. Podem ser utilizados, para esse índice, as medidas da distância euclidiana ou de Mahalanobis para cálculo das dissimilaridades. Os genótipos que apresentarem os menores valores na matriz com relação ao ideótipo são selecionadas (LESSA et al., 2017).

Para o calculo do índice da distância genótipo-ideótipo, foram utilizados a média e os valores de máximo e mínimos de cada caracteres. Sendo considerados X_{ij} como a média do valor fenotípico do carácter j e no genótipo i . Foram considerados Y_{ij} como a média transformada do valor fenotípico, e C_{ij} a constante relativa da depreciação da média do genótipo.

Logo, teve-se:

Se $L_{lj} \leq X_{ij} \leq L_{sj}$, então $Y_{ij} = X_{ij}$;

Se $X_{ij} < L_{lj}$, $Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - L_{lj} - C_j$;

Se $X_{ij} > L_{sj}$, $Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - L_{sj} + C_j$.

Em que,

L_{lj} : limite inferior a ser apresentado pelo genótipo para o carácter j ;

L_{sj} : limite superior a ser apresentado pelo genótipo para o carácter j ;

VO_j : valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo.

Foi considerado que $C_j = L_{sj} - L_{lj}$. Assim, o valor da constante C_j garantiu que qualquer valor de X_{ij} que estivesse próximo do intervalo que era satisfatório retornasse em um valor de Y_{ij} com magnitude próximo do valor ótimo (VO_j). Dessa forma, os valores Y_{ij} obtidos por transformação foram, padronizados e ponderados pelos pesos atribuídos a cada caractere pela a equação a seguir:

$$Y_{ij} = \sqrt{a_j} \frac{Y_{ij}}{S(Y_j)}$$

Em que,

$S(Y_j)$: desvio-padrão dos valores fenotípicos médios obtidos pela transformação;

a_j : peso ou valor econômico da característica.

A fórmula a seguir foi utilizada para cálculo do valor ótimo que o genótipo representa.

$$VO_{ij} = \sqrt{a_j} \frac{VO_j}{S(Y_j)}$$

A seguir foram estimados os índices com base na distância entre os genótipos e o ideótipo (DGI), de acordo com a equação a baixo:

$$I_{DGI} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{j=1}^n (Y_{ij} - VO_j)^2}$$

As análises genético-estatísticas foram realizadas utilizando o programa computacional GENES (CRUZ, 2016).

5 - RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas dos parâmetros genéticos é uma das contribuições da genética quantitativa, permitindo aos programas de melhoramento genético analisar estratégias de seleção e estimativas de ganhos genéticos. Para os programas de melhoramento um pré-requisito é a existência de variabilidade genética para análise da viabilidade do processo seletivo (SOARES et al., 2020). Observou-se a existência de variância genética para todos os caracteres

agronômicos avaliados ao nível de 1 % pelo teste de F, nas duas épocas de semeadura (Tabela 1).

TABELA 1 - Quadrados médios, coeficiente de variação e parâmetros genéticos para os caracteres avaliados em progênies de soja RCF3, avaliados em duas épocas de semeaduras, no município de Uberlândia – MG, safra 2019/2020.

Caracteres	Semeadura Novembro 2019/20			
	QMG	CV(%)	h ² (%)	CVg/CVe
NDF	47,75**	6,09	91,27	1,87
NDM	147,85**	3,27	92,76	2,07
APM	1043,27**	15,36	81,52	1,21
NNM	26,55**	10,64	87,31	1,51
NNP	16,78**	14,22	79,50	1,14
NV	318,31**	28,05	47,09	0,54
PGP	33,35**	29,17	39,08	0,46
PROD	4515,34**	22,38	51,45	0,59

Caracteres	Semeadura Dezembro 2019/20			
	QMG	CV(%)	h ² (%)	CVg/CVe
NDF	39,95**	8,23	79,48	1,14
NDM	14,49**	2,90	93,10	2,12
APM	423,91**	12,56	77,37	1,07
NNM	14,41**	9,07	83,86	1,32
NNP	11,10**	11,13	80,06	1,58
NV	678,62**	26,90	70,77	0,90
PGP	44,09**	28,41	62,32	0,74
PROD	3310,61**	24,66	55,83	0,65

NDF e NDM: número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; APM: altura da planta na maturidade; NNM: número de nós na haste principal na maturidade; NNP: número de nós na produtivo; NV: número de vagens; PGP: produção de grãos por planta (g); PROD: produtividade de grãos (g); QMG: quadrado médio de genótipos; h²: herdabilidade; CV: coeficiente de variação; CVg/CVe: razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental. **: são significativos ao nível de 1% de probabilidade para o teste de F.

Para obter êxito na seleção é fundamental que os experimentos apresentem alta precisão experimental. Em experimentos de campo, podem ser classificados como excelente quando inferior a 10%, boa de 10% a 20%, médias entre 20 e 30% e ruim quando maior que 30% (SOARES et al., 2020).

O CV oscilou entre 2,90% a 29,17% para os caracteres número de dias para maturidade (NDM) e produção de grãos por planta (PGP), respectivamente, quando analisado simultaneamente ambas as épocas de semeadura (Tabela 1).

Estas estimativas estão dentro do valores comumente relatados para a cultura da soja.

A herdabilidade (h^2) expressa a confiança que se pode ter no valor fenotípico como indicativo para predizer o valor genotípico e inferir no ganho de seleção (FALCONER; MACKAY, 1996). Sendo assim, um dos principais parâmetros genéticos que auxiliam nos programas de melhoramento, uma vez que por meio deste pode-se inferir o ganho genético. Estimativas de h^2 maior ou igual a 70 % são consideradas de elevada magnitude (ROCHA et al., 2015).

Na semeadura de Novembro as estimativas de h^2 oscilaram entre 39,08% (PGP) a 92,76% (NDM) e na semeadura de Dezembro de 55,83% para produtividade de grãos (PROD) a 93,10% (NDM) (TABELA 1). As estimativas foram elevadas para NDM, número de dias para o florescimento (NDF), número de nós na maturidades (NNM), altura da planta na maturidade (APM) e número de nós produtivos (NNP) em ambas as épocas de semeaduras, e para semeadura de dezembro o número de vagens (NV) também foram elevadas, com 70,77% (Tabela 1). Para esses caracteres pode-se inferir que as diferenças entre os genótipos são predominantemente de natureza genética e menor efeito ambiental, o que indica que os caracteres podem ser facilmente fixáveis no avanço de gerações (SANTOS et al., 2018). Soares et al. (2020) avaliando parâmetros genéticos em progênies de seleção recorrente do programa de soja para produtividade em três épocas de semeaduras e três ambientes diferentes, encontraram estimativas elevadas de h^2 , similares ao presente estudo.

A razão entre o coeficiente de variação genético (CVg) e o coeficiente de variação ambiental (CVe) é empregado como indicativo do grau de obtenção de ganhos genéticos na seleção de genótipos superiores. Valores maiores ou igual a uma unidade, indica condição favorável para a seleção (LEITE et al. 2016). Os valores do coeficiente CVg/CVe obtidos em ambas as épocas de semeaduras, foram maiores à uma unidade para os caracteres NDF, NDM, APM, NNM e NNP, evidenciando situação favorável para seleção (Tabela 1). Os resultados obtidos estão de acordo com Andrade et al. (2016), avaliando uma população de soja F6 encontram resultados semelhantes ao deste trabalho. Assim como, Azevedo et al. (2021) ao avaliarem progênies $F_{3.4}$ em duas populações, observaram CVg/CVe menor que uma unidade para APM para ambas as populações e maiores para

produtividade de grãos (PG), NV, NN, NDM em ambas as populações avaliadas. Indicando que os caracteres NDM, NNM podem ser utilizados como caracteres para seleção de progênies em gerações iniciais.

Na Tabela 2 constam as amplitudes das médias dos caracteres agrônômicos para as duas épocas de semeaduras. Na semeadura de novembro, pode-se observar a formação de 5 grupos para a maioria dos caracteres avaliados. Observou-se que o NDF variou de 27 dias a 48,5 dias. E pode-se observar no NDM que o genótipo mais precoce apresentou ciclo de 88,67 dias e o mais tardio 119,67 dias.

Para a semeadura de dezembro foi possível separar em quatro grupos para os caracteres NDF e NDM, as progênies avaliadas apresentaram NDF de 28 a 49,5 dias e o genótipo mais precoce apresentou ciclo de 83,11 a 107,67 dias (TABELA 2). Segundo Almeida et al. (2013) pode-se classificar as cultivares como precoce (111 dias para maturação), média (112 a 124 dias para maturação) e tardia (acima de 125 dias para maturação). Seguindo essa classificação, observou-se que os genótipos semeados em novembro são precoces com menos de 111 dias e média (112 a 120 dias para maturação). Já na semeadura de dezembro todos os genótipos apresentaram classificação precoce.

Segundo Mattos et al. (2020), a época de semeadura recomendada para região de Uberlândia – MG situa-se no início de novembro. O ciclo vegetativo é um elemento de importância para a cultura da soja, pois é durante este período que a planta cresce em altura e aumenta em matéria seca, fase em que os produtos da fotossíntese são armazenados nas raízes, caule e folhas. Esta etapa é importante uma vez que influencia no potencial produtivo da planta. Quando surgem as primeiras flores inicia-se o ciclo reprodutivo, no qual os produtos da fotossíntese são alocados aos órgãos reprodutivos (ABRHÃO; COSTA, 2018). O número de dias para o florescimento e para maturidade proporciona o tempo de desenvolvimento da planta, refletindo as fase vegetativa e reprodutiva.

TABELA 2. Grupos formados e valores de máximos e mínimos das médias de caracteres agrônômicos e produtividade de grãos avaliados nas progênies de sojas RCF3 em diferentes épocas de semeaduras.

		Semeadura Novembro 2019/20							
		Caracteres							
Grupo por Scott Knott		NDF	NDM	APM	NNM	NNP	NV	PGP	PROD
A	Máx.	48,50	119,67	128,35	25,34	18,56	75,44	27,22	321,32
	Mín.	45,33	113,00	105,52	24,78	12,78	49,33	16,67	209,12
B	Máx.	43,67	112,00	104,18	22,45	12,56	48,67	16,34	207,81
	Mín.	42,00	104,67	88,64	19,78	10,78	28,11	8,34	107,01
C	Máx.	39,00	104,00	85,22	19,53	10,55	-	-	-
	Mín.	-	97,33	70,73	16,63	8,11	-	-	-
D	Máx.	38,00	97,00	69,72	16,33	-	-	-	-
	Mín.	32,17	93,67	44,61	14,33	-	-	-	-
E	Máx.	32,00	93,33	-	13,67	-	-	-	-
	Mín.	27,00	88,67	-	11,56	-	-	-	-
		Semeadura Dezembro 2019/20							
		Caracteres							
Grupo por Scott Knott		NDF	NDM	APM	NNM	NNP	NV	PGP	PROD
A	Máx.	49,50	107,67	110,06	22,44	18,44	134,83	34,50	256,86
	Mín.	46,50	102,00	91,42	18,33	15,55	-	-	164,47
B	Máx.	44,50	100,50	90,67	18,17	15,44	100,67	24,11	162,99
	Mín.	39,67	95,00	77,52	16,22	13,50	-	16,50	83,28
C	Máx.	38,33	94,00	76,77	16,11	13,33	89,33	15,78	-
	Mín.	34,00	89,33	45,37	14,50	11,89	64,44	8,25	-
D	Máx.	33,33	89,00	-	14,22	11,78	63,00	-	-
	Mín.	28,00	83,11	-	12,78	9,83	31,11	-	-
E	Máx.	-	-	-	-	-	-	-	-
	Mín.	-	-	-	-	-	-	-	-

NDF e NDM: número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; APM: altura da planta na maturidade; NNM: número de nós na maturidade; NNP: número de nós produtivo na haste principal; NV: número de vagens; PGP: peso em gramas de grãos por planta (g); PROD: produtividade de grãos (g). Grupo A, B, C, D e E refere-se às médias que apresentaram a mesma letra pelo teste Scott-Knott a 5% de significância.

Genótipos de ciclo precoce, são uns dos objetivos de programas de melhoramento pois permite o uso de sistemas de sucessão de cultura e instalação de milho safrinha após a colheita da soja. Além de, reduzir os efeitos

dos fatores bióticos e abióticos, como impactos pela seca, pressão de doenças, ao permanecer menos tempo no campo (ABRAHÃO e COSTA, 2018; GESTEIRA et al., 2018; KUSWANTORO, 2019). É possível observar no presente estudo que há progênies que apresentaram ciclos fenológicos muito precoce em ambas épocas de semeaduras, quando comparados com cultivares comuns de soja que alcançam a maturidade entre 110 - 140 dias (ABRAHÃO e COSTA, 2018).

Notou-se que não houve diferença para o número de dias para florescimento entre as épocas de semeaduras. Entretanto, observou-se que na semeadura de dezembro os genótipos apresentaram um ciclo fenológico menor, ou seja, as progênies foram mais precoce. Isso pode ter ocorrido devido ao fotoperíodo, pois à medida que se afasta do solstício de verão, a planta fica exposta ao fotoperiodismo mais curtos.

Na tabela 2, notou-se que à medida que atrasa a semeadura ocorre redução do número de dias para atingir a maturidade. Mesmo com uma diferença de 22 dias entre as semeaduras observa-se que houve impacto quanto ao tempo para maturação. As progênies semeadas em dezembro tiveram uma redução no ciclo fenológico de 12 dias quando comparados as mesmas progênies semeadas em novembro.

Balena et al. (2016), avaliaram três épocas de semeaduras (22 de outubro, 17 de novembro, e 11 de dezembro) no ano agrícola 2013, na região de Xanxerê, Santa Catarina. Foi observado que com o atraso da semeadura o ciclo fenológico das plantas foram reduzidos, encontrando uma redução de 7 a 17 dias nas segunda e terceira semeadura, respectivamente, sendo que na primeira época de semeadura o ciclo fenológico foi de 144 dias. Além de observarem uma redução na produtividade de grãos em semeaduras tardias, podendo ser explicado pelo fato do fotoperíodo curto e as altas temperaturas terem reduzido o tempo de desenvolvimento vegetativo e reprodutivo, gerando uma redução dos subprodutos, tendo com implicação, um menor período de enchimento de grãos.

Mattos et al. (2020) avaliaram a influência das diferentes época de semeadura (22 de outubro, 5 de novembro, 22 de dezembro de 2016 e 05 de janeiro de 2017) nos caracteres agrônômicos de cultivares de soja em Uberlândia MG. Nas semeaduras de outubro e novembro apresentaram caracteres que favorecem ao aumento da produtividade, como grande número de nós e altura da

planta na maturidade. Também foi observado que com o atraso para a semeadura afetou a produtividade, sendo indicado a semeadura em outubro e início de novembro para a região de Uberlândia MG. Resultados similares foram encontrados neste trabalho com melhores resultados para produtividade na semeadura de Novembro (Tabela 2).

Com o atraso na época de semeadura ocorre redução no período de luz , provocando uma antecipação no ciclo reprodutivo e uma redução no ciclo vegetativo (UMBURANAS et al., 2019). Assim, plantas submetidas à fotoperíodo menor tem um desenvolvimento reduzido no período vegetativo, fase em que estabelece caracteres como, altura da planta e o números de nós (KUSWANTORO, 2019).

Altura da planta é um caráter de importância para a soja, uma vez que impacta na colheita mecanizada e na produtividade. Sendo o ideal plantas com altura entre 50 e 90 cm, pois, plantas muito altas ou baixas podem favorecer a perda na colheita mecanizada e reduzir a potencial da produtividade (SEDIYAMA et al., 2015).

Em relação ao caráter altura de planta, na semeadura de novembro notou-se a constituição de quatro grupos, sendo que o genótipo com a menor altura foi de 44,61 cm e o de maior altura foi de 128,35 cm. E foram formados três grupos para a semeadura de dezembro, cujas médias oscilaram de de 45,37 a 110,06 cm entre as progênies estudadas (Tabela 2). Verificou-se que os genótipos tiveram uma redução de aproximadamente 18 cm quanto a APM entre as duas épocas de semeadura. Pode-se observar que com um período vegetativo menor ocorre a redução no tamanho da planta. Com a estatura reduzida identifica-se um menor número de nós e um menor número de vagens o que interfere no potencial produtivo da planta (VIANNA et al., 2019).

Mattos et al. (2020) também observaram uma redução na altura de plantas com o atraso da semeadura, quando avaliou a influência de diferentes épocas de semeaduras no desempenho agrônômico de soja na região do Triângulo Mineiro. Assim, observou que semeaduras mais tardias resultaram em plantas de estatura reduzida, quando compara-se a semeadura em época recomendada. E a medida que ocorreu atraso na semeadura observou-se uma redução na produtividade,

que pode ser justificada pela menor quantidade de número de nós e influenciando na redução no número de vagens.

Na semeadura de novembro, observou-se a separação em cinco grupos para o caráter NNM, cujas médias variaram de 11,56 a 25,34 nós nas progênies avaliadas, sendo que o NNP variaram entre 8,11 e 18,56 nós, divididos em quatro grupos (TABELA 2). Na semeadura de dezembro, observou-se uma separação em quatro grupos para NNM e NNP, no qual apresentou variação de nós na maturação de 12,78 e 22,4 nós, e dos quais de 9,83 a 18,44 nós são produtivos (Tabela 2). De acordo com Sediya et al. (2015) uma planta de soja com alto potencial produtivo deve apresentar em média 17 a 18 nós na haste principal. Os genótipos avaliados nas duas épocas de semeaduras foram observados o número de nós no intervalo propostos pelo autor.

Para o NV três grupos foram formados, e o número de vagens oscilaram entre 28,11 a 75,44 vagens nas progênies avaliadas na semeadura de novembro. Já na semeadura de dezembro, quatro grupos foram formados, observando uma variação de 31,11 a 134,83 vagens nos genótipos estudados (Tabela 2). Observou-se que na semeadura de dezembro ocorreu maior formação de vagens. Como foi abordado por Nico, Miralles e Kantolic (2015), supõem que a extensão do fotoperíodo aumenta-se o número de vagens, em decorrência ao aumento na produção de flores, já que a variação nas flores por planta costuma ser responsável por grande parte da variação nas vagens por planta.

Resultados diferentes foram encontrados no trabalho de Mattos et al. (2020), no qual foi observado uma relação direta no atraso da época de semeadura e uma diminuição na média de número de vagens. Assim como, Umburanas et al. (2019) que observaram redução no número de vagens a medida que se atrasa a semeadura, ao analisar 4 épocas de semeaduras em duas safras (2012/2013 e 2013/2014). Mattos et al. (2020) sugeriram que a redução no número de vagens podem também ser associado ao aborto de flores e vagens e fatores como: uma menor quantidade de reserva de fotoassimilados disponíveis, a planta interceptar menos luz, terem menor altura, número de nós e outros fatores.

Para o PGP e PROD, na semeadura de novembro, foi observado a formação de dois grupos, sendo uma variação de 8,34 a 27,22 g de grãos por planta e uma produtividade de grãos oscilando de 107,01 a 321,32 g (Tabela 2).

Para a semeadura de dezembro, as progênies apresentaram PGP variando entre 8,25 a 34,50 g divididos em três grupos. Já para produtividade de grãos houve a divisão em 2 grupos com oscilação entre 83,28 a 256,86 g (Tabela 2).

Pode-se observar que a produtividade de grãos foi ligeiramente maior na semeadura de novembro, apesar do NV ter sido maior na semeadura de dezembro. Pode se inferir que o enchimento dos grãos foi afetado por fatores abióticos, não convertendo a maior quantidade de vagens em uma maior produtividade de grãos. Mattos et al. (2020) observaram redução na produtividade com o adiamento das semeaduras. Em decorrência do aumento do fotoperíodo as plantas apresentaram menor altura, com menor dossel vegetativo, reduzindo a absorção de radiação para a produção de fotoassimilados, que são essenciais para enchimento de grãos.

Carmo et al. (2018) também observaram redução na produtividade de grãos à medida que a semeadura (03/10; 18/10; 02/11 e 17/11 de 2014) foi realizada mais tardiamente. Os autores indicaram que nas semeaduras tardias coincidiram com a fase de enchimento de grãos que ocorreu junto com o veranicos em Rio Verde - GO. Com menor disponibilidade de água para as plantas ocorre uma redução nas taxas de fotossíntese influenciando na fase de enchimento de grãos.

Outro parâmetro genético importante para os programas de melhoramento genético são as correlações que auxiliam no processo de seleção entre caracteres avaliados. As correlações possibilitam medir o grau de associação entre caracteres e avaliar o efeito de um caráter em relação aos demais, em especial se a seleção para o caráter de interesse torna-se difícil, ou seja, quando for difícil a mensuração do caráter de interesse ou quando as estimativas de herdabilidade forem baixas (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014).

A estimativa de coeficiente de correlações é adimensional e seu valor absoluto varia de -1 a 1. O coeficiente de correlações estimados positivos indicam a tendência de uma variável aumentar quando a outra aumenta, já correlações negativas indicam a tendência de uma variável aumentar enquanto a outra diminui. Para interpretação das correlações, três aspectos foram considerados: a magnitude (valor maior ou igual a 0,7), a direção e a significância (LEITE et al., 2016; MACHADO et al., 2017).

De acordo com Jorge et al. (2019) variáveis com correlações fenotípicas maiores que 0,7 são consideradas altamente correlacionadas, entretanto, pode-se realizar seleção indireta quando valores são maiores que 0,5.

Para a maioria dos caracteres, as correlações genotípicas foram maiores que as fenotípicas, e de sinal positivo. Isso indica que os fatores genéticos tiveram maior contribuição que os fatores ambientais para as correlações entre os caracteres estudados (Tabela 3). Resultados similares também foram encontrados por Souza et al. (2015) e Leite et al. (2015) com valor da correlação genotípica maior que a fenotípica quando avaliaram correlações entre caracteres agrônômicos em soja.

TABELA 3. Correlações fenotípicas (r_f) e genotípicas (r_g) de caracteres agrônômicos de progênies RCF3 de soja em de duas épocas de semeaduras.

		Semeaduras de Novembro e Dezembro 2019/20							
Caracteres		NDF	NDM	APM	NNM	NNP	NV	PGP	PROD
NDF	rf		0,70**	0,41**	0,49**	0,36**	0,35**	0,27**	0,48**
	rg		0,75	0,48	0,56	0,43	0,56	0,48	0,73
NDM	rf	0,62**		0,29**	0,56**	0,37**	0,44**	0,32**	0,41**
	rg	0,69		0,33	0,61	0,42	0,69	0,56	0,62
APM	rf	0,19	0,08		0,84**	0,83**	0,33**	0,41**	0,36**
	rg	0,23	0,06		0,85	0,88	0,38	0,54	0,54
NNM	rf	0,36**	0,40**	0,73**		0,95**	0,58**	0,57**	0,42**
	rg	0,42	0,41	0,72		0,97	0,69	0,75	0,61
NNP	rf	0,26**	0,34**	0,66**	0,95**		0,61**	0,63**	0,40**
	rg	0,32	0,35	0,67	0,97		0,64	0,78	0,56
NV	rf	0,31**	0,57**	0,01	0,33**	0,43**		0,84**	0,43**
	rg	0,41	0,66	-0,8	0,33	0,40		0,84	0,65
PGP	rf	0,28**	0,55**	0,04	0,31**	0,40**	0,92**		0,44**
	rg	0,42	0,67	-0,06	0,31	0,35	0,93		0,67
PROD	rf	0,09	0,30**	0,16	0,14	0,12	0,21*	0,26**	
	rg	0,17	0,37	0,11	0,15	0,12	0,13	0,18	

Estimativas na parte superior à diagonal referem-se às correlações obtidas na semeadura de novembro; Estimativas na parte inferior à diagonal referem-se às correlações obtidas na semeadura de dezembro. NDF e NDM: número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; APM: altura da planta na maturidade; NNM: número de nós na maturidade; NNP: número de nós na produtivo; NV: número de vagens; PGP: peso em gramas de grãos por planta (g); PROD: produtividade de grãos (g). ** e * são significativos ao nível de 1 e 5% , respectivamente, de probabilidade pelo teste de t.

Foram observados 28 correlações fenotípicas significativas na semeadura de novembro, contudo, apenas 5 correlações foram de magnitudes maiores que 0,7 e 6 correlações entre 0,5 e 0,69 de magnitude. Na semeadura de dezembro

notou-se 20 correlações fenotípicas significativas sendo 3 com magnitudes maiores que 0,7 e 4 correlações com magnitude entre 0,5 e 0,69 (TABELA 3).

Uma das causas para a alta magnitude das correlações genéticas podem esta associada a ocorrência de pleiotropismo, quando um mesmo gene governa a expressão de mais de um caráter, o que pode favorecer a seleção simultânea de dois ou mais caracteres, por meio da seleção de apenas um caráter, permitindo a aplicação da seleção indireta de genótipos superiores (LEITE et al., 2016; MACHADO et al., 2017; SANTOS et al., 2019).

Na semeadura de novembro e de dezembro as maiores correlações fenotípicas e genotípicas de mesmo sinal, alta magnitude e significativa foram observados com os caracteres APM x NNM; NNM x NNP e NV x PGP (Tabela 3). Esses resultados indicam que a seleção para plantas com maior altura, maior número de nós e nós produtivos resultam em plantas mais produtivas, resultados semelhantes também são observados por Leite et al. (2016) e Santos et al. (2019) ao avaliarem caracteres agrônômicos ao estimarem a correlações em linhagens de soja. Ainda, os autores compartilham a ideia que os caracteres APM e NNM estão relacionados com efeito indireto sobre a produtividade de grãos, via número de vagens, que é um caráter que mais contribui diretamente na determinação da produtividade de grãos.

Na semeadura de novembro notou-se correlações fenotípicas significativas e sinal positivo para todos os caracteres avaliados. Os caracteres que apresentaram correlações genotípicas com alta magnitude foram NDM com NDF, NNM com APM, NNP com APM, NNM com APM, NNM com NNP e NV com PGP. Contudo ainda observa-se correlações que podem ser usadas para seleção entre NDM com NNM, NNM com NV, NNM com PGP, NNP com NV e NNP com PGP (Tabela 3). Pode-se inferir que a seleção pelo caráter para APM pode ser selecionado em ambas as épocas de semeaduras quando se busca genótipos mais precoces e a seleção indireta para caracteres que respondem pelo potencial produtivo .

Na semeadura de dezembro observou-se correlações fenotípicas significativas para a maioria dos caracteres e sinal positivo. Entretanto apenas as correlações entre os caracteres APM com NNM, NNM com NNP e NV com PGP foram de alta magnitude. O caracteres NDF com NDM, APM com NNP, NDM com

NV e PGP tiveram magnitudes maiores que 0,5 possibilitando seleção de progênies (Tabela 3). O caráter NDM não é o mais favorável para seleção indireta dos genótipos estudados, uma vez que, ao selecionar este caráter não seria obtido uma seleção favorável de outro caráter que possibilite potencial aumento da produtividade de grãos.

Bisinotto et al. (2017) ao estudar correlações de características agrônômicas em linhagens de soja, observou que existe uma correlação entre altura da planta na maturidade e o número de nós na maturidade significativa, com sinal positivo e alta magnitude, corroborando com os resultados observados neste trabalho.

Pode-se inferir, na tabela 3, que a estimativa da correlação genética de NNM com NNP, NV, PGP e PROD indicam um grau significativo de associação em mesma direção, corroborando com os resultados de Val et al. (2017), que avaliou linhagens a partir de F6. Isso indica que valores altos na seleção para esses caracteres podem resultar em ganhos indiretos na produtividade de grãos, auxiliando o melhorista na seleção indireta de genótipos superiores mais produtivos (MACHADO et al., 2017; VIANNA et al., 2019).

De acordo com Santos et al. (2019) o número de vagens por planta (NVP) e rendimento de grãos por planta (RG) estão diretamente relacionados, pois observaram quanto maior o NVP maior foi o RG. Val et al. (2017) em seu trabalho identificaram que os caracteres que mais influenciaram a produtividade de grãos foram APM, NDM e NV. Leite et al. (2016) encontraram uma correlação genotípica (0,78) e fenotípica (0,57) entre a PROD e o número total de vagens, corroborando as correlações encontradas nesse trabalho.

No desenvolvimento de novos genótipos a genética quantitativa tem possibilitado aos pesquisadores suporte nas tomadas de decisões para a melhor estratégia de seleção. A seleção direta direciona para um único caráter de interesse e obtém os ganhos máximos em apenas um caráter sobre o qual se pratica a seleção. Logo, durante o desenvolvimento de novos genótipos pode-se praticar a seleção direta e avaliar seu reflexo nos outros caracteres pela seleção indireta. Dependendo da relação entre os caracteres as respostas podem ser favoráveis ou desfavoráveis a seleção (TEIXEIRA et al., 2017). Nesse contexto, a

seleção direta pode ser praticada e avaliar o seu reflexo nos outros caracteres pela seleção indireta (VOLPATO et al., 2018).

Na Tabela 4 estão apresentados os ganhos de seleção estimados, na diagonal os ganhos de seleção direto para as progênies de RCF3 provenientes das duas épocas de semeaduras avaliadas.

TABELA 4. Estimativas de Ganho de Seleção (GS%) obtidas para os caracteres avaliados, pela seleção direta e indireta em progênies RCF3 de duas épocas de semeaduras.

Semeadura Novembro 2019/20								
Caracteres	GS%							
	NDF	NDM	APM	NNM	NNP	NV	PGP	PROD
NDF	-	-	-	-	-	-	-	-
	10,02	-4,16	15,26	11,15	-9,04	-2,16	-1,15	-4,43
NDM	-7,02	-5,86	-9,52	12,29	-9,54	-5,28	-4,26	-4,45
APM	4,97	1,14	20,42	12,33	10,90	1,04	2,50	1,59
NNM	4,90	4,45	15,22	17,49	15,34	6,66	4,71	2,53
NNP	3,68	3,16	12,71	16,52	16,84	8,10	7,68	4,43
NV	2,58	2,81	6,37	11,83	11,88	14,77	9,62	3,59
PGP	4,17	2,72	8,24	10,82	11,54	12,42	11,60	4,10
PROD	7,26	3,85	6,81	8,86	7,85	5,95	4,35	12,13
Semeadura Dezembro 2019/20								
Caracteres	GS%							
	NDF	NDM	APM	NNM	NNP	NV	PGP	PROD
NDF	-8,48	-3,31	-5,42	-5,10	-4,12	-4,35	-2,61	-3,69
NDM	-5,91	-5,33	-3,90	-5,92	-5,00	-8,55	-8,39	-2,04
APM	1,22	1,00	14,68	9,64	10,03	5,39	4,77	3,26
NNM	2,97	2,94	10,83	13,68	13,66	7,40	6,93	1,45
NNP	0,58	1,04	10,04	13,00	14,90	9,43	7,59	0,75
NV	4,42	5,37	1,50	7,98	9,41	25,91	19,20	4,67
PGP	3,13	5,33	3,00	5,92	6,99	22,87	22,03	5,26
PROD	0,57	2,36	3,19	2,16	2,51	5,20	5,39	16,38

NDF e NDM: número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; APM: altura da planta na maturidade; NNM: número de nós na maturidade; NNP: número de nós na produtivo; NV: número de vagens; PGP: peso em gramas de grãos por planta (g); PROD: produtividade de grãos (g). Os valores destacados correspondem ao ganho de seleção direta do caráter.

Nesse estudo, a seleção direta promoveu maiores ganhos individuais para as maiorias dos caracteres agrônômicos. Os maiores ganhos obtidos com a

seleção direta em ambas épocas de semeaduras foram para os caracteres APM, NNM, NNP, NV, PROD e PGP (Tabela 4).

Para seleção direta, na semeadura de novembro, os maiores ganhos foram para os caracteres APM (20,42%), NNM (17,49%), NNP (16,84%) e NV (14,77%). Enquanto a seleção direta para os caracteres NDF(-10,02%) e NDM(-5,86%) foram os menores ganhos. Na semeadura de dezembro, os maiores ganhos foram para os caracteres NV (25,91%), PGP (22,03%), PROD (16,38%), NNP (14,90) e APM (14,60) na seleção direta. Contudo, os menores ganhos, também, foram para NDF (8,48%) e NDM (5,33%) (Tabela 4). Resultado similares foram encontrados por Bizari et al. (2017), que identificaram o menor ganho de seleção para NDM (3,29%) e entre os melhores ganho de seleção direta foram os caracteres PROD (34,58%), NV (26,34%) e APM (12,68%).

Com o intuito de selecionar progênies com menor ciclo vegetativo, observou-se em ambas épocas de semeadura ganhos negativos para NDF e NDM e com ganhos positivos para os outros caracteres avaliados (Tabela 4). Esses resultados indicam uma seleção direta para progênies mais precoces, que apresentam um menor ciclo fenológico, sem prejudicar os caracteres secundários pela seleção indireta. Pela seleção para redução do ciclo do genótipo permite a rotação de cultura e a menor exposição a fatores abiótico e biótico (TEXEIRA et al., 2017).

Pela análise de variância conjunta detectou-se efeitos significativos para os fatores progênies em diferentes épocas de semeadura, bem como para a interação progênies e épocas semeadura (interação G x A) para a maioria dos caracteres ao nível de 1% pelo Teste de F (Tabela 5). Os coeficientes de variação oscilaram entre 3,11 e 28,84%, que confirmam o mostrado pela literatura para a cultura da soja (MACHADO et al., 2017; DVORJA et al., 2019; SANTOS et al., 2019). Os coeficientes de variação (CV) observados ficaram abaixo de 29%, similar ao encontrado por Leite et al. (2015) e Bonh et al. (2016).

TABELA 5. Resumo da análise de variância conjunta para caracteres agrônômicos em progênies RCF3.

FV	GL	QUADRADOS MÉDIOS			
		NDF	NDM	APM	NNM
Bloco/Ambiente	4	7,23	34,94	4.043,83	15,10
Genótipo (G)	104	78,69	235,87**	1.182,52**	35,98**
Ambiente (A)	1	245,37 ^{ns}	10.662,75**	24.232,58*	30,33 ^{ns}
G X A	104	9,00**	14,96**	284,66**	4,99**
Resíduo	416	6,18	8,90	144,38	2,85
Média		34,16	95,92	84,22	17,04
CV (%)		7,28	3,11	14,27	9,90
h ² (%)		92,14	96,23	87,79	92,09

FV	GL	QUADRADOS MÉDIOS			
		NNP	NV	PGP	PROD
Bloco/Ambiente	4	18,06	1.336,69	88,93	6.843,22
Genótipo (G)	104	23,77**	635,63**	42,69**	4.744,05**
Ambiente (A)	1	16,93 ^{ns}	5.837,72 ^{ns}	191,93 ^{ns}	460.378,21**
G X A	104	4,12**	361,29**	34,75**	3.081,90**
Resíduo	416	2,83	183,39	18,47	1.827,27
Média		13,21	49,31	14,90	182,14
CV (%)		12,73	27,47	28,84	23,47
h ² (%)		88,11	71,15	56,74	61,48

NDF e NDM: número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; APM: altura da planta na maturidade; NNM: número de nós na maturidade; NNP: número de nós na produtivo; NV: número de vagens; PGP: peso em gramas de grãos por planta (g); PROD: produtividade de grãos (g).

Resultados semelhantes a estes estudo foram observados por Santos et al. (2019) ao realizar avaliações agrônômicas em populações F₂ de soja no Distrito Federal - Brasil, e por Bianchi et al. (2019) ao avaliarem progênies de soja F_{3:4} e F_{3:5} em municípios no estado de Minas Gerais nas safras 2016/2017 e 2017/2018, respectivamente, quando verificaram efeitos significativos na análise de variância conjunta. Assim como, os resultados obtidos por Silva et al (2019) foram semelhantes ao avaliar quatro épocas de semeaduras (05/10; 20/10; 05/11 e 20/11 de 2012) para os caracteres agrônômicos altura da planta e produtividade.

Foi possível observar uma alta herdabilidade para os caracteres NDF e NDM (Tabela 5). Isso permitir possível seleção direta de progênies para comportamento precoce, com um menor ciclo de desenvolvimento.

O caráter que apresentou maior estimativa de herdabilidade foi NDM (96,23%) seguida por NDF (92,14%), NNM (92,09%), NNP (88,11%), APM (87,79%)

e NV (71,15%). Por outro lado, as menores estimativas encontradas foram para as características PROD (61,48%) e PGP (56,74%) (Tabela 5). Logo, os resultados permitem inferir que para seleção de progênies que apresentem o ciclo de desenvolvimento precoce pode-se realizar pela seleção direta para os caracteres NDM e NDF. O desenvolvimento de genótipos que tenham comportamento precoce, permite o sistema de cultivo duplo para semeadura de outras culturas no mesmo ano agrícola. Portanto, quanto antes realizar a colheita da cultura plantada na safra, melhores serão as condições para a cultura a ser semeada na safrinha (ABRAHÃO e COSTA, 2018; FOLLMANN et al., 2017).

A interação G x A é considerada como um dos principais desafios dos programas de melhoramento, seja na etapa de seleção quanto na de recomendação de cultivares, visto que a seleção pode ser dificultada pela interação G x A, resultando em respostas variáveis dos genótipos sob diferentes condições de ambientes (BIANCHI et al., 2019). A interação G x A foi significativa para todos os caracteres agrônômicos avaliados, e indica resposta diferencial das progênies avaliadas nas duas épocas de semeaduras (Tabela 5).

Outro aspecto que deve ser considerado no estudo da interação G x A é sua natureza, que esta associada a dois fatores. O primeiro, denominado simples, que é proporcionado pela diferença de variabilidade entre genótipos nos ambientes, e o segundo, denominado complexo, que é dado pela falta de correlação entre genótipos pode ser simples ou complexa. A quantificação dos fatores que compõem a interação é importante porque informa ao pesquisador sobre o grau de dificuldade no momento da seleção ou recomendação de cultivares (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014).

De acordo com a decomposição da interação G x A em partes simples e complexa, observou-se predomínio da parte simples, utilizando a metodologia de Cruz e Castoldi (1991), no qual estimativas inferiores a 50% são considerados partes simples (CHAVES et al., 2017) (Tabela 6). A interação foi do tipo complexa para os caracteres número de vagens e produção de grãos, que são de herança poligênicas e, portanto, muito influenciados pelo ambiente.

TABELA 6. Correlações fenotípicas, genotípicas entre as épocas de semeadura novembro e dezembro em relação aos caracteres agrônômicos em progênies de soja e decomposição da interação em parte complexa.

Caracteres	r_f	r_g	Parte complexa (%)	Classificação
NDF	0,80**	0,93	44,09	Simple
NDM	0,90**	0,95	28	Simple
APM	0,68**	0,76	43,27	Simple
NNM	0,79**	0,88	37,17	Simple
NNP	0,72**	0,88	49,18	Simple
NV	0,30**	0,44	76,13	Complexa
PGP	0,10	0,20	93,66	Complexa
PROD	0,22*	0,4	87,26	Complexa

NDF e NDM: número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; APM: altura da planta na maturidade; NNM: número de nós na maturidade; NNP: número de nós na produtivo; NV: número de vagens; PGP: peso em gramas de grãos por planta (g); PROD: produtividade de grãos (g). ** e * são significativos ao nível de 1 e 5% , respectivamente, de probabilidade pelo teste de t. r_f : coeficiente de correlação fenotípica entre pares de ambientes; r_g : coeficiente de correlação genotípica entre pares de ambientes.

Segundo Glasenapp et al. (2015) a interação do tipo simples não prejudica de forma significativa a seleção de genótipos superiores, uma vez que existe a possibilidade de ganho nos diferentes ambientes. Já a interação do tipo complexa sinaliza a dificuldade da seleção dos genótipos, pois há a inconsistência da superioridade dos genótipos em relação à variação ambiental.

Pelas correlações fenotípicas e genotípicas entre os pares de épocas de semeadura constatou-se baixas correlações para caracteres que número de vagens e produção de grãos e estimativas superiores a 0,68 para os demais caracteres agrônômicos (Tabela 6), evidenciando desta forma, que as condições ambientais influenciam nas respostas dos genótipos e, portanto, a avaliação de progênies em mais um uma época, torna-se importante na seleção de progênies superiores para o caráter produção de grãos.

Na Tabela 7 estão os resultados obtidos para o ganho de seleção conjunta para as duas épocas de semeaduras. O caráter que apresentou maior ganho direto foi NV com 20,58%, seguido pelo caracteres APN (17,02%) e NNP (15,60%). Uma seleção direta para os caracteres NDF e NDM indicam uma redução para o ciclo precoce. Para a seleção direta praticada para todos os caracteres, constatou-se ganhos favoráveis para todos os caracteres avaliados.

Considerando-se as duas épocas de semeadura, o caráter NV apresentou os melhores ganhos para a seleção indireta para os caracteres PGP, PROD (Tabela 7).

TABELA 7: Ganho de seleção conjunta de progênies RCF3 em diferentes épocas de semeaduras.

Caracteres	Semeadura Novembro/Dezembro 2019/20							
	GS%							
	NDF	NDM	APM	NNM	NNP	NV	PGP	PROD
NDF	-9,26	-3,56	-10,66	-9,07	-7,95	-5,82	-3,47	-3,97
NDM	-6,69	-5,38	-6,40	-8,61	-7,17	-8,39	-6,49	-4,18
APM	4,64	1,42	17,02	10,77	10,01	1,48	2,02	-0,23
NNM	3,92	3,43	12,34	15,60	15,86	9,17	7,09	1,89
NNP	3,51	2,73	11,91	14,85	16,27	9,93	8,11	2,26
NV	7,70	6,35	3,28	9,86	9,89	20,58	12,20	5,31
PGP	7,95	5,91	3,93	9,03	9,1	18,29	13,93	5,47
PROD	5,96	4,74	6,80	7,69	7,00	9,05	7,89	12,42

NDF e NDM: número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; APM: altura da planta na maturidade; NNM: número de nós na maturidade; NNP: número de nós na produtivo; NV: número de vagens; PGP: peso em gramas de grãos por planta (g); PROD: produtividade de grãos (g). Os valores destacados correspondem ao ganho de seleção direta do caráter.

Os programas de melhoramento para obter um novo material genético necessitam selecionar genótipos superiores não apenas para um ou poucos caracteres, eles devem agrupar uma serie de características favoráveis e de interesse do mercado consumidor (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014). Assim, uma alternativa para seleção simultânea de um conjunto de caracteres de interesse são as teorias dos índices de seleção.

Diferindo da seleção direta, os índices de seleção constitui uma alternativa para a seleção simultânea, com eficiência, de um conjunto de caracteres de interesse (PEREIRA et al., 2019). Os ganhos de seleção obtidos pelo índice da soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978) e índice da distância genótipo-ideótipo encontram-se na Tabela 8.

O índice da distância genótipo-ideótipo resultou em maior valor de ganho total (77,79%), além de, apresentar o melhor ganho para produtividade de grãos (7,74%). Contudo o índice da soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978)

apresentou menor ganho para NDF e NDM, que permite obter o menor ciclo vegetativo e total. Entretanto, o índice da distância genótipo-ideótipo obteve os melhores valores para os demais caracteres, permitindo uma distribuição equilibrada dos ganhos de seleção (Tabela 8).

TABELA 8. Estimativas de ganho de seleção obtidas pelos índices de Mulamba & Mock (1978) e na distâncias genótipo-ideótipo, em 2 épocas de semeaduras em progênies de soja RCF3.

Caracteres	GS %	
	Semeadura Novembro / Dezembro 2019/2020	
	Mulamba & Mock (1978)	Distância genótipo-ideótipo
NDF	2,60	8,09
NDM	2,85	4,80
APM	11,92	8,15
NNM	13,64	11,58
NNP	14,90	12,04
NV	11,24	14,13
PGP	10,26	11,26
PROD	5,25	7,74
Ganho Total	72,66	77,79

NDF e NDM: número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; APM: altura da planta na maturidade; NNM: número de nós na maturidade; NNP: número de nós na produtivo; NV: número de vagens; PGP: peso em gramas de grãos por planta (g); PROD: produtividade de grãos (g).

Teixeira et al. (2017) estudando seleção de linhagens de soja com base em diferentes índices, observou que os maior ganho genético total foi com índice de seleção da distância genótipo-ideótipo (59,38%) e o que apresentou uma distribuição equilibrada para os caracteres observados. Os resultados são similares aos deste estudo, porém com valores de ganho de seleção inferiores.

Na Tabela 9 encontram-se as 25 progênies superiores que apresentaram maiores ganhos de seleção considerando as duas épocas de semeadura, selecionadas pelo métodos de índice de seleção da distância genótipo-ideótipo. Considerando a produção para seleção destacam-se as progênies 3, 5, 19, 30, 45 e 97, que apresentaram maiores produção por linha. Os genótipos também apresentarem ciclo fenológico precoce, entre 93 e 108 dias para maturação, o que permite a disponibilidade da área para o plantio de outra cultura.

TABELA 9 – Progênies selecionadas pelo índice distancia genótipo ideótipo em duas épocas de semeaduras.

GS% - Distância Genótipo Ideótipo								
Semeaduras Novembro/Dezembro 2019/2020								
Prog.	Caracteres							
	NDF (Dias)	NDM (Dias)	APM (cm)	NNM	NNP	NV	PGP (g)	PROD (g)
UFUS 1	32,67	101,67	87,05	20,81	16,61	60,45	20,25	198,30
UFUS 3	32,17	96,50	92,68	18,00	14,17	54,28	18,11	234,48
UFUS 5	33,00	102,58	84,91	18,67	14,67	54,75	16,42	214,62
UFUS 7	43,50	109,83	75,64	17,00	12,56	65,89	18,56	254,73
UFUS 10	44,33	110,17	108,57	21,78	16,50	63,50	21,17	250,83
UFUS 11	46,50	105,00	79,54	18,50	13,75	68,92	16,58	198,58
UFUS 12	45,00	110,83	80,82	16,39	13,06	62,61	17,11	211,74
UFUS 16	45,67	112,50	118,12	23,89	18,50	76,89	20,67	232,41
UFUS 18	35,17	95,58	97,24	20,34	16,78	64,00	15,31	173,44
UFUS 19	34,50	107,67	87,41	20,56	16,11	68,83	20,72	216,22
UFUS 21	39,50	111,50	106,70	22,28	16,17	60,56	16,45	236,22
UFUS 23	35,08	103,42	82,00	18,53	14,78	63,81	17,78	190,81
UFUS 24	41,92	96,58	98,02	19,81	15,03	52,64	16,55	149,65
UFUS 30	32,33	96,50	86,86	17,95	13,75	51,25	17,17	223,47
UFUS 32	32,50	93,75	90,33	19,50	16,17	59,70	19,61	199,26
UFUS 33	35,67	95,08	89,21	19,39	15,58	45,28	16,11	188,08
UFUS 40	33,33	92,83	92,50	18,72	14,78	60,78	16,89	198,15
UFUS 44	36,33	104,17	106,56	19,56	15,11	49,50	18,33	194,79
UFUS 45	32,67	92,83	89,65	18,94	15,33	46,67	14,67	232,67
UFUS 57	33,50	93,17	86,57	17,78	13,56	56,78	16,11	188,06
UFUS 62	36,33	94,17	94,90	17,39	13,39	54,28	18,11	164,59
UFUS 87	32,83	93,33	92,37	18,22	14,78	50,55	17,83	192,25
UFUS 93	34,83	96,67	96,77	19,06	15,56	69,78	19,67	165,40
UFUS 97	35,00	96,25	99,02	18,56	14,95	57,47	18,03	213,83
UFUS 101	37,00	95,83	96,98	20,22	16,28	61,89	18,28	167,68

Prog.: Progênies; GS: ganho de seleção; NDF e NDM: número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; APM: altura da planta na maturidade; NNM: número de nós na maturidade; NNP: número de nós na produtivo; NV: número de vagens; PGP: peso em gramas de grãos por planta; PROD: produtividade de grãos.

6- CONCLUSÃO

Os caracteres agronômicos relacionados ao ciclo, altura de planta e número de nós da haste principal tiveram estimativas de herdabilidades superiores a 70% nas semeaduras de novembro e dezembro.

As herdabilidades para número de vagens foi de 39 a 70% respectivamente para as semeaduras de novembro e dezembro.

A herdabilidade para produção de grãos por planta e produção de grãos por parcela foi inferior a 62% nas duas épocas de semeadura.

As correlações fenotípicas e genotípicas para número de dias para florescimento e número de dias para maturidade, número de nós na haste principal e altura da planta, número de vagens por planta e produção de grãos por planta foi de alta magnitude nas semeaduras de novembro e dezembro.

A interação progênies e épocas de semeadura foi significativa e do tipo complexa para o número de vagens e produção de grãos.

O ganho de seleção direta pelas médias das duas épocas de semeadura oscilou de -5,35% a 20,58% respectivamente para os caracteres número de dias para maturidade e número de vagens.

Pelo índice de seleção Mulamba e Mock (1978) os ganhos de seleção oscilaram de 2,60% a 14,90% respectivamente para número de dias para florescimento e número de nós na haste principal.

Pelo índice de seleção distância genótipo-ideótipo os ganhos de seleção oscilaram de 4,80% a 14,13% respectivamente para número de dias para maturidade e número de vagens.

Os ganhos de seleção para produtividade de grãos foi superior pelo índice distância genótipo-ideótipo.

As progênies UFUS 3, UFUS 5, UFUS 19, UFUS 30, UFUS 45 e UFUS 97 destacaram-se pela maior produção de grãos e menor ciclo precoce, sugeridas para avanço de gerações e novas avaliações de desempenho.

7- REFERÊNCIAS

ABATE, M. **Genotype by environment interaction and yield stability analysis of open pollinated maize varieties using AMMI model in Afar regional state, Ethiopia.** Journal of Plant Breeding and Crop Science, v. 12, n. 1, p 8-15, 2020. <https://doi.org/10.5897/JPBCS2019.0839>

ABRAHÃO, G. M.; COSTA, M. H. **Evolution of rain and photoperiod limitations on the soybean growing season in Brazil: The rise (and possible fall) of double-cropping systems.** Agricultural and Forest Meteorology, v. 256, p. 32-45, 2018. <https://doi.org/10.1016/j.agrformet.2018.02.031>

ALMEIDA, F. A.; BRUCKER, E. L.; POLIZEL, A. C.; PETTER, F. A.; HAMAWAKI, O. T.; ALCÂNTARA NETO, F. A. **Desempenho agrônômico de linhagens e cultivares de soja frente a doenças foliares.** Revista de Ciências Agrárias, v. 56, n. 2, p. 88-94, 2013. <https://doi.org/10.4322/rca.2013.014>

ANDRADE, A. E. C. B.; SILVA, A. J.; FERRAUDO, A. S. E.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; DI MAURO, A. O. **Strategies for selecting soybean genotypes using mixed models and multivariate approach.** African Journal of Agricultural Research, v. 11, n. 1, p. 23-31, 2016.

ASHWORTH, A. J.; KNAPP, V.; ALLEN, F. L.; SAXTON, A. M. **Comparing yield trial locations based on their elicited expressions of genetic variance among soybean cultivars.** Crop Science, v. 60, n. 3, p.1313-1324, 2020. <https://doi.org/10.1002/csc2.20066>

AZEVEDO, C. V. G.; VAL, B. H.; ARAÚJO, L. C. A.; JUHÁSZ, A. C. P.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. **Genetic parameters of soybean populations obtained from crosses between grain and food genotypes.** Acta Scientiarum. Agronomy, v. 43, 2021. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v43i1.46968>

BALDISSERA, J. N. C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. **Fatores genéticos relacionados com a herança em populações de plantas autógamas.** Revista de Ciências Agroveterinárias, Lages, v. 13, n. 2, p. 181- 189, 2014.

BALENA, R.; GIACOMINI, C. T.; BENDER, A. C.; NESI, C. N. **Época de semeadura e espaçamentos entre linhas na produtividade da soja.** Unoesc & Ciência-ACBS, v. 7, n. 1, p. 61-68, 2016.

BEZERRA, A. R. G.; SEDIYAMA, T.; BORÉM, A.; SOARES, M. M. **Importância econômica.** In: SEDIYAMA, T., SILVA, F., BORÉM, A. Soja: do plantio a colheita. Viçosa: Editora UFV, p. 09-26, 2015.

BIANCHI, M. C.; BRUZI, A. T.; SOARES, I. O.; RIBEIRO, F. D. O.; GESTEIRA, G. D. S. **Heritability and the genotype x environment interaction in soybean.**

Agrosystems, Geosciences & Environment, v. 3, n. 1, 2020.
<https://doi.org/10.1002/agg2.20020>

BISINOTTO, F. F.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, R. L.; GLANSENAPP, J. S.; HAMAWAKI, C. L. **Path analysis and traits correlation in soybean**. Communications in Plant Sciences, v. 7, n. 1-2, p. 27-33, 2017.
<https://doi.org/10.26814/cps2017005>

BIZARI, E. H.; VAL, B. H. P.; PEREIRA, E. M.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. **Selection índices for agronomic traits in segregating populations of soybean**. Ciência Agronômica, v. 48, n. 1, p. 110-117, 2017.
<https://doi.org/10.5935/1806-6690.20170012>

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Estatísticas de Comércio Exterior do Agronegócio Brasileiro. 2021**. Disponível em: <<http://indicadores.agricultura.gov.br/agrostat/index.htm>>. Acesso em: 23 de jul de 2021.

BOHN, N. P.; FILHO, J. F. L.; NÓBREGA, J. C. A.; CAMPOS, A. R.; NÓBREGA, R. S. A.; PACHECO, L. P. **Identificação de cultivares de soja para a região sudoeste do Cerrado piauiense**. Revista Agroambiente On-line, v. 10, n. 1, p. 10-16, 2016. <https://doi.org/10.18227/1982-8470ragro.v10i1.2911>

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa: Editora UFV, p 523, 2013.

CÂMARA, G. M. S. **Preparo do solo e plantio**. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A.; (Eds). Soja do plantio à colheita. Viçosa: UFV, p. 66-109, 2015.

CAPONE, A.; SANTOS, E. R.; SANTOS, A. F.; DARIO, A. S.; BARROS, H. B. **Produtividade e qualidade de sementes de genótipos de soja para alimentação humana introduzidos em Tocantins, na entressafra**. Nucleus, Ituverava, v. 15, n. 1, p. 71-84, 2018. <https://doi.org/10.3738/1982.2278.2171>

CARMO, E. L.; BRAZ, G. B. P.; SIMON, G. A.; SILVA, A. G.; ROCHA, A. G. C. **Desempenho agrônômico da soja cultivada em diferentes épocas e distribuição de plantas**. Revista de Ciências Agroveterinárias, v. 17, n. 1, p. 61-69, 2018. <https://doi.org/10.5965/223811711712018061>

CASTRO, L. S.; MIRANDA, M. H.; LIMA, J. E. **Indicadores sociais de desenvolvimento e a produção de soja: uma análise multivariada nos 150 maiores municípios produtores brasileiros**. Revista Brasileira de Gestão e Desenvolvimento Regional, v. 11, n. 1, p. 69-87, 2015.

CERUTTI, P. H.; SANTOS, M.; MUNIZ, A. T.; RODRIGUES, A. R.; CARVONARI, L. T. S.; SCHWARZER, P. A. **Desempenho de cultivares de soja em diferentes ambientes de cultivo**. Nativa, v. 8, n. 3, p. 390-396, 2020. <https://doi.org/10.31413/nativa.v8i3.9521>

CHAVES, M. V. A.; SILVA, N. S.; SILVA, R. H. O.; JORGE, G. L.; SILVEIRA, I. C.; MEDEIROS, L. A.; HAMAWAKI, C. D. L. **Genotype x environment interaction and stability of soybean cultivars for vegetative stage characters**. *Genetics and Molecular Research*, v. 16, n. 3, 2017. <https://doi.org/10.4238/gmr16039795>

CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos – Safra 2020/2021**. Companhia Nacional de Abastecimento. v. 8, n. 9, p. 87, 2021. Disponível em < <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos?limitstart=0>>. Acesso em: 22 jul de 2021.

COSTA, M. I. A. COSTA; MELO, A. L.; FERREIRA, C. S.; MATSUO, E. **Morfometria Reprodutiva e Diversidade Genética em Cultivares de Soja**. *Nucleus*, v. 15, v. 2, p. 207-215, 2018. <https://doi.org/10.3738/1982.2278.2894>

CRUZ C. D.; CASTOLDI F. L. **Decomposição da interação genótipo x ambiente em parte simples e complexa**. *Revista Ceres*, Viçosa, v.38 n.219 p. 422-430, 1991.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético - Volume I**. Viçosa: Editora Viçosa, v. 2, 3 ed., p. 668, 2014.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Volume II**. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, p. 668, 2014.

CRUZ, C. D. **Genes Software - extended and integrated with the R, Matlab and Selegen**. *Acta Scientiarum. Agronomy*, Maringá, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i3.32629>

DINIZ, R. M. G.; HAMAWAKI, O. T.; OLIVEIRA, A. P. **Comportamento agrônomico de cultivares de soja de ciclo precoce**. *Enciclopédia Biosfera*, v. 10, n. 18; p. 973, 2014.

DUHNEN, A., GRAS, A.; TEYSSÈDRE, S.; ROMESTANT, M.; CLAUSTRES, B.; DAYDÉ, J.; MANGIN, B. **Genomic selection for yield and seed protein content in soybean: a study of breeding program data and assessment of prediction accuracy**. *Crop Science*, v. 57, n. 3, p. 1325-1337, 2017. <https://doi.org/10.2135/cropsci2016.06.0496>

DVORJAK, D. S.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; DE SOUSA LEITE; W., DA SILVA; A. J., DA SILVA; F. M.; DI MAURO, A. O. **Correlations and path analysis in soybean progenies with resistance source to cyst nematode (race3)**. *Comunicata Scientiae*, v. 10, n. 1, p. 168-175, 2019. <https://doi.org/10.14295/cs.v10i1.1697>

EMBRAPA. **Embrapa soja- soja em números (safra 2020/2021)**. Disponível em < <https://www.embrapa.br/soja/cultivos/soja1/dados-economicos>>. Acesso em: 22 jul de 2021.

ELIAS, A. A.; ROBBINS, K. R.; DOERGE, R. W.; TUINSTRAM, M. R. **Half a century of studying genotype x environment interactions in plant breeding experiments.** Crop Science, v. 56, p 2090-2105, 2016. <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.01.0061>

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics.** 4. ed. New York: Longman, 1996. 464 p.

FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development.** Ames: Iowa State University of Science and Technology, 1977. 11 p. (Special report, 80).

FRIEDRICHS, M. R.; BURTON, J. W.; BROWNIE, C. **Heterosis and genetic variance in soybean recombinant inbred line populations.** Crop Science, v. 56, n. 4, p. 2072-2079, 2016. <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.11.0702>

FOLLMANN, D. N.; CARGNELUTTI FILHO, A.; DE SOUZA, V. Q.; NARDINO, M.; CARVALHO, I. R.; DEMARI, G. H.; FERRAI, M.; PELEGRIN, A. J.; SZARESKI, V. J. **Relações lineares entre caracteres de soja safrinha.** Revista de Ciências Agrárias, v. 40, n. 1, p. 213-221, 2017. <https://doi.org/10.19084/RCA16027>

GESTEIRA, G. S. ; BRUZI, A. T. ; ZITO, R. K.; FRONZA, V.; ARANTES, N. E. **Selection of early soybean inbred lines using multiple index.** Crop Science, v. 58, n. 6, p. 2494-2502, 2018. <https://doi.org/10.2135/cropsci2018.05.0295>

GLASENAPP, J. S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; MATSUO, E.; BROMMONSCHENKEL, S. H.; OLIVEIRA, R. D. C. T.; HAMAWAKI, O. T. **Diversidade de características agrônômicas e moleculares em cultivares de soja com diferentes graus de resistência à *Phakopsora pachyrhizi*.** Bioscience Journal, v. 3, n. 1, 2015. <https://doi.org/10.14393/BJ-v31n1a2015-17166>

GOVINDARAJ, M.; VETRIVENTHAN, M.; SRINIVASAN, M. **Importance of genetic diversity assessment in crop plants and its recent advances: an overview of its analytical perspectives.** Genetics research international, Londres, v. 2015, 2015. <https://doi.org/10.1155/2015/431487>

IEA. **Instituto de Economia Agrícola.** Disponível em <<http://www.iea.sp.gov.br/out/TerTexto.php?codTexto=15935>>. Acesso em: 22 jul de 2021.

JANDONG, E. A.; UGURU, M. I.; OKECHUKWU, E. C. **Estimates of genetic variability, heritability and genetic advance for agronomic and yield traits in soybean (*Glycine max L.*).** Academic Journals. V19, n. 4, p. 201-206, 2020.

JORGE, G. L.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, O. T.; MACHADO, B. Q. V.; SANTANA, A. J. O.; BORGES, B. A. M.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. D. L.

Line selection and correlation between traits of soybeans genotypes under high naturally occurring stink bug infestation. Genetics and Molecular Research, v. 18, n. 1, 2019. <https://doi.org/10.4238/gmr18182>

KUSWANTORO, H. **Performance, similarity and genetic parameters of agronomical characters of soybean [*Glycine max* (L) Merril.] germplasms.** Agriculture and natural resources. v. 53, p 228-236, 2019.

LANGTHALER, E. **Broadening and Deepening: Soy Expansions in a World-Historical Perspective.** Historia Ambiental Latinoamericana y Caribeña (HALAC) revista de la Solcha, v. 10, n. 1, p. 244-277, 2020. <https://doi.org/10.32991/2237-2717.2020v10i1.p244-277>

LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; FILHO, C. H. A. M.; NETO, F. A.; OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F. S. **Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agrônômicos em linhagens F8 de soja.** Comunica Scientiae, v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016. <https://doi.org/10.14295/cs.v7i3.1176>

LEITE, W. S. W.; PAVAN, B. E.; FILHO, C. H. A. M.; FEITOSA, F. S.; OLIVEIRA, C. B. **Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agrônômicos em genótipos de soja.** Nativa, Sinop, Mato Grosso, v. 03, n. 04, p. 241-245, 2015. <https://doi.org/10.14583/2318-7670.v03n04a03>

LESSA, L. S.; DA SILVA LEDO, C. A.; DA SILVA SANTOS, V. **Seleção de genótipos de mandioca com índices não paramétricos.** Revista Raízes e Amidos Tropicais, v. 13, p. 1-17, 2017.

MACHADO, B. Q. V.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, O. T.; REZENDE, G. F.; JORGE, G. L.; SILVEIRA, I. C.; MEDEIROS, L. A.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. D. L. **Phenotypic and genotypic correlations between soybean agronomic traits and path analysis.** Genetics and Molecular Research, v. 16, n. 2, 2017. <https://doi.org/10.4238/gmr16029696>

MATSUO, E.; FERREIRA, S. C.; SEDIYAMA, T. Botânica e Fenologia. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. (Ed.) **Soja: do plantio à colheita.** UFV, Viçosa, p. 27-53. 2015.

MATSUO, É.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; BROMMONSCHENKEL, S. H.; FERREIRA, S. C.; FIALHO, G. S. **Efficiency of artificial hybridization in soybean during the summer depending on temperature and relative humidity.** Bioscience Journal, Uberlândia, v. 31, n. 6, 2015. <https://doi.org/10.14393/BJ-v31n6a2015-26171>

MATTOS, T. P.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; LUIZ, M. C. P.; TEIXEIRA, F. G.; SHIGIHARA, D.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. D. L. **Effect of sowing season on soybean performance.** Bioscience Journal, v. 36, n. 5, p. 1603-1616, 2020. <https://doi.org/10.14393/BJ-v36n5a2020-42446>

NETO, F. A.; TAVARES, S. O.; LEITE, W. S.; SILVA, J. A. L.; FILHO, C. H. A. M.; GRAVINA, F. A. **Grain yield, adaptability and stability of soybean genotypes in different Cerrado environments of Piau , Brazil.** *Comunicata Scientiae*, v. 9, n. 2, p. 226-234, 2018. <https://doi.org/10.14295/cs.v9i2.2674>

NICO, M.; MIRALLES, D. J.; KANTOLIC, A. G. **Post-flowering photoperiod and radiation interaction in soybean yield determination: Direct and indirect photoperiodic effects.** *Field Crops Research*, v. 176, p. 45-55, 2015. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2015.02.018>

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, D. G.; MATSUO,  . **An lise de trilha e correla es entre caracteres em soja cultivada em duas  pocas de semeadura.** *Bioscience Journal*, Uberl ndia, v. 28, n. 6, 2012.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; GOMES, J. D. **Avan os no melhoramento gen tico da cultura da soja nas  ltimas d cadas.** In: LEMES, E; CASTRO, L.; ASSIS, R. (org.) *Doen as da soja: Melhoramento Gen tico e T cnicas de Manejo.* Campinas: Millennium Editora, 2015, p. 159-178.

ODA, M. DO C.; SEDIYAMA, T.; MATSUO, E.; CRUZ, C. D.; BARROS, E. G. DE; FERREIRA, M. F. S. **Phenotypic and molecular traits diversity in soybean launched in forty years of genetic breeding.** *Agronomy Science and Biotechnology*, [s.l.], v. 1, n. 1, p. 1-9, 2015. <https://doi.org/10.33158/ASB.2015v1i1p1>

OCHIGBO, A. E.; BELLO, L. L.; VANGE, T. **Genotype by Environment Interaction of Soybean (*Glycine Max* L. Merrill) For Yield and Yield Components in the Savanna.** *Journal of Agriculture and Veterinary Science*, v. 9, n. 8, p. 20, 2016. <https://doi.org/10.9790/2380-0908022024>

OLIVEIRA SOUSA, T.; CHAVES, D. V.; HEBERLE, E.; FILHO, J. H. C.; SANTANA, F. S.; MONTEIRO, C. R. B.; FERREIRA, R. S.; SANTOS, M. E. L. **Genetic divergence between soybean cultivars grown in the Cerrado in Southwestern Piau , Brazil.** *African Journal of Agricultural Research*, v. 11, n. 37, p. 3519-3526, 2016. <https://doi.org/10.5897/AJAR2016.11351>

OLIVEIRA, L. A.; SILVA, C. P.; TEODORO, P. E.; TORRES, F. E.; CORR A, A. M.; BHERING, L. L. **Performance of cowpea genotypes in the Brazilian midwest using the bayesian additive main effects and multiplicative interaction model.** *Agronomy Journal*. v. 110, n. 1, 2018. <https://doi.org/10.2134/agronj2017.03.0183>

PELUZIO, J. M.; AFF RRI, F. S.; MONTEIRO, F. J. F.; DE MELO, A. V.; PIMENTA, R. S. **Revista Adaptability and stability of soybean cultivars under conditions of varzeas, in Tocantins State Brazil.** *Ci ncia Agron mica*, v. 41, n. 3, p. 427-434, 2010. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902010000300015>

PEREIRA, D. R.; BRUZI, A. T.; NUNES, J. A. R.; CARVALHO, J. P. S.; ZAMBIAZZI, E. V.; GESTEIRA, G. S. **Genotype x environment interactions and implications for associations among soybean traits**. Genetics and Molecular Research, v. 18, n. 3, p. 1-12, 2019. <https://doi.org/10.4238/gmr18099>

PERES, R. M.; REIS, I. R. A.; PANTALEÃO, A. de A.; TEODORO, L. P. R.; BAIO, F. H. R.; TEODORO, P. E. **Selection of F6 soybean lines for Chapadão do Sul**. Research, Society and Development, [S. l.], v. 9, n. 7, 2020. <https://doi.org/10.33448/rsd-v9i7.3818>

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012. 522 p.

RAMALHO, M. A. P.; BRUZI, A. T.; TEIXEIRA, R. D. K. S. **Quantitative Genetics in Breeding**. In: Soybean Breeding. Springer, Cham, 2017. p. 113-129. https://doi.org/10.1007/978-3-319-57433-2_7

REZENDE, W. S.; CRUZ, C. D.; BORÉM, A.; ROSADO, R. D. S. **Half a century of studying adaptability and stability in maize and soybean in Brazil**. Scientia Agricola, ePUB, 2020, Piracicaba, v.78, n. 3, 2020. <https://doi.org/10.1590/1678-992x-2019-0197>

RIBEIRO, F. C.; COLOMBO, G. A.; P. O. S. SILVA, P. O.; J. I. C. SILVA, J. I. C.; ERASMO, E. A. L.; J. M. PELUZIO, J. M. **Desempenho agrônômico de cultivares de soja na região central do Estado do Tocantins, safra 2014/2015**. Scientia Plena, 2016. <https://doi.org/10.14808/sci.plena.2016.070201>

ROCHA, F.; VIEIRA, C. C.; FERREIRA, M. C.; DE OLIVEIRA, K. C.; MOREIRA, F. F.; PINHEIRO, J. B. **Selection of soybean lines exhibiting resistance to stink bug complex in distinct environments**. Food and Energy Security, v. 4, n. 2, p. 133-143, 2015. <https://doi.org/10.1002/fes3.57>

ROTILI, E. A.; AFFÉRI, F. S.; PELUZIO, J. M.; PIMENTA, R. S.; CARVALHO, E. V. **Importância das características morfológicas e agrônômicas no estudo da biodiversidade genética do milho**. Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável, v. 10, n.5, 2015. <https://doi.org/10.18378/rvads.v10i5.3671>

SANTOS, E. R.; SPEHAR, C. R.; CAPONE, A.; PEREIRA, P. R. **Estimativa de parâmetros de variação genética em progênies F₂ de soja e genitores com presença e ausência de lipoxigenases**. Nucleus, Ituverava, v. 15, n. 1, p. 61-70, 2018. <https://doi.org/10.3738/1982.2278.2169>

SANTOS, E. R.; ROBERTO SPEHAR, C.; ROBERTO PEREIRA, P.; CAPONE, A.; BARROS, H. BB. **Parâmetros genéticos e avaliação agrônômica em progênies F₂ de soja no Distrito Federal, Brasil**. Brazilian Journal of Agricultural Sciences/Revista Brasileira de Ciências Agrárias, v. 14, n. 1, 2019. <https://doi.org/10.5039/agraria.v14i1a5625>

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; REIS, M. S. **Melhoramento da soja.** In: **BORÉM, A. Melhoramento de espécies cultivadas.** Viçosa: Editora UFV, 2013. p. 553-603.

SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. **Soja do plantio à colheita.** Ed. UFV-Viçosa, 333p., 2015.

SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T., LUDKE, W. **Melhoramento da soja.** Ed. UFV-Viçosa, 563p., 2017

SILVA, A. F.; SEDIYAMA, T., BORÉM, A. **Exigências edafoclimáticas.** In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. **Soja do plantio à colheita.** Ed. UFV-Viçosa, p. 54-65, 2015.

SILVA, E. S.; DE CARVALHO, M. A. C.; DALLACORT, R. **Desempenho agrônômico de cultivares de soja em diferentes épocas de semeadura em Tangará da Serra e Diamantino, Mato Grosso.** Acta Iguazu, v. 8, n. 1, p. 1-11, 2019. <https://doi.org/10.31413/nativa.v8i2.8382>

SOARES, I. O.; REZENDE, P. M.; BRUZI, A. T.; ZAMBIAZZI, E. V.; ZUFFO, A. M.; SILVA, K. B.; GWINNER, R. **Adaptability of soybean cultivars in different crop years.** Genetics and Molecular Research, v. 14, n. 3, p. 8995-9003, 2015. <https://doi.org/10.4238/2015.August.7.8>

SOARES, I. O.; BIANCHI, M. C.; BRUZI, A. T.; GESTEIRA, G. D. S.; SILVA, K. B.; GUILHERME, S. R.; CIANZIO, S. R. **Genetic and phenotypic parameters associated with soybean progenies in a recurrent selection program.** Crop Breeding and Applied Biotechnology, v. 20, n. 4, 2020. <https://doi.org/10.1590/1984-70332020v20n4a59>

SOUSA, L. B.; JÚNIOR, C. D. S.; ROMANATO, F. N.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; DE MELO MUNDIM, F.; HAMAWAKI, C. D. L. **Correlation between yield components in F6 soybean progenies derived from seven biparental crosses.** Bioscience Journal, v. 31, n. 6, p. 1692-1699. 2015. <https://doi.org/10.14393/BJ-v31n6a2015-26217>

SWARUP, S.; CARGILL, E. J.; CROSBY, K.; FLAGEL, L.; KNISKERN, J.; GLENN, K. C. **Genetic diversity is indispensable for plant breeding to improve crops.** Crop Science, 2020. <https://doi.org/10.1002/csc2.20377>

TEIXEIRA, F. G.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. L.; MATTOS, T. P.; SILVEIRA, I. C.; MEDEIROS, L. A. **Inheritance of Precocity and of Agronomic Characters in Soybean.** Genetics and Molecular Research, Ribeirão Preto, v. 16, n. 4, p. 1-16, 2017. <https://doi.org/10.4238/gmr16039842>

USDA - **United States Department of Agriculture** - Disponível em:
<<https://usda.library.cornell.edu/concern/publications/3t945q76s?locale=en>>.
Acesso em 23 de jun de 2021.

UMBURANAS, R. C.; YOKOYAMA, A. H.; BALENA, L.; DOURADO-NETO, D.; TEIXEIRA, W. F.; ZITO, R. K.; REICHARDT, K.; KAWAKAMI, J. **Soybean yield in different sowing dates and seeding rates in a subtropical environment.** International Journal of Plant Production, v. 13, n. 2, p. 117-128, 2019.
<https://doi.org/10.1007/s42106-019-00040-0>

VAL, B. H. P.; DA SILVA, F. M.; BIZARI, E. H.; DE SOUSA LEITE, W.; GROLI, E. L. PEREIRA, E. M.; DI MAURO, A. O. **Identification of superior soybean lines by assessing genetic parameters and path analysis of grain yield components.** African Journal of Biotechnology, v. 16, n. 8, p. 328-336, 2017.
<https://doi.org/10.5897/AJB2016.15766>

VERMA, A.; KUMAR, V.; KHARAB, A. S.; SINGH, G. P. **GxE interaction analysis by Ammi Model for fodder yield of dual purpose barley genotypes.** International Journal of Bio-resource and Stress Management, v. 11, n. 1, p. 051-056, 2020. <https://doi.org/10.23910/IJBSM/2020.11.1.2064>

VIANNA, M. S.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, O. T.; DE SOUSA, L. B.; GOMES, G. F.; GLASENAPP, J. S.; DA SILVA, C. O. **Selection of lineages, genetic parameters, and correlations between soybean characters.** Bioscience Journal, Uberlândia, v.35, n.5, 2019.
<https://doi.org/10.14393/BJ-v35n5a2019-42656>

VILLELA, O.T.; VILLELA, O. T. ; UNEDA-TREVISOLI, S. H. ; SILVA, F. M. ; BÁRBARO JUNIOR, L. S.; MAURO, A. O **Genetic divergence of roundup ready (RR) soybean cultivars estimated by phenotypic characteristics and molecular markers.** African Journal of Biotechnology, Lagos, v. 13, n. 26, p. 2613-2625, 2014.
<https://doi.org/10.5897/AJB2014.13661>

VOLPATO, L., ALVES, R. S., TEODORO, P. E., VILELA DE RESENDE, M. D., NASCIMENTO, M., NASCIMENTO, A. C. C., LUDKE, W. H.; SILVA, F. L.; BORÉM, A. **Multi-trait multi-environment models in the genetic selection of segregating soybean progeny.** PloS one, v. 14, n. 4, p. e0215315, 2019.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0215315>

WYSMIERSKI, P.T.; VELLO, N.A. **The genetic base of Brazilian soybean cultivars: evolution over time and breeding implications.** Genetics and Molecular Biology, Ribeirão Preto, v. 36, n. 4, p. 547-555, 2013.
<https://doi.org/10.1590/S1415-47572013005000041>